ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ НАУКИ
СИБИРСКИЙ ФЕДЕРАЛЬНЫЙ НАУЧНЫЙ ЦЕНТР АГРОБИОТЕХНОЛОГИЙ
РОССИЙСКОЙ АКАДЕМИИ НАУК (ФГБУН СФНЦА РАН)

На правах рукописи

Авадани Диана Александровна

Молекулярно-генетическая характеристика по SNP и STR-маркёрам и их связь с продуктивными качествами симментальской и красной степной пород Западной Сибири

4.2.5 - Разведение, селекция, генетика и биотехнология животных

ДИССЕРТАЦИЯ

на соискание учёной степени кандидата биологических наук

Научный руководитель:
доктор биологических наук
Гончаренко Галина Моисеевна

Новосибирск – 2026

СОДЕРЖАНИЕ Стр.

ВВЕДЕНИЕ……... 4
1 ОБЗОР ЛИТЕРАТУРЫ……... 12
1.1 Характеристика продуктивных качеств молочных пород скота Западной Сибири…… 12
1.2 Полиморфизм генов…….. 16
1.2.1 Каппа-казеин (CSN3)…… 16
1.2.2 Бета-лактоглобулин (BLG)……... 21
1.2.3 Лептин (LEP)……. 24
1.2.4 Ген фактора некроза опухоли альфа (TNF-α)…… 28
1.2.5 Стеарил-КоА десатураза (SCD1)……. 29
1.2.6 PIT1……. 32
1.2.7 OLR1……... 35
1.3 Применение STR-локусов в молочном скотоводстве…… 37
2 МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЙ…… 43
2.1 Место проведения, объект и предмет исследования……. 43
2.2 Методика выделения ДНК……... 44
2.3 Тестирование крупного рогатого скота по гену каппа-казеина (CSN3) способом ПЦР-ПДРФ…….. 44
2.4 Тестирование крупного рогатого скота по гену бета-лактоглобулина (BLG) способом ПЦР-ПДРФ……..... 45
2.5 Тестирование крупного рогатого скота по гену лептина (LEP) способом АС-ПЦР…… 46
2.6 Тестирование крупного рогатого скота по гену фактора некроза опухоли альфа (TNF-α) способом ПЦР-ПДРФ…… … 47
2.7 Тестирование крупного рогатого скота по гену (PIT1) способом ПЦР-ПДРФ……..... 48
2.8 Тестирование крупного рогатого скота по гену стеарил-КоА десатураза (SCD1) способом ПЦР-ПДРФ …….. 49
2.9 Тестирование крупного рогатого скота по гену (ORL1) способом ПЦР-ПДРФ……. 50
2.10 Методика STR-тестирования крупного рогатого скота……. 51
2.11 Методика определения качества и сыропригодности молока.. 51
2.12 Расчет селекционно-генетических параметров стада ……. 52
3 РЕЗУЛЬТАТЫ ИССЛЕДОВАНИЙ……. 56
3.1 Генотипическая структура симментальской и красной степной пород скота по SNP-маркёрам……. 56
3.1.1 Генотипическое и аллельное разнообразие симментальской и красной степной пород по генам продуктивности……. 56
3.1.2 Популяционно-генетическая характеристика симментальской и красной степной пород по SNP-маркёрам…… 59
3.2 Генетическая структура симментальской и красной степной пород по STR-маркёрам…… 62

3.2.1 Аллельное разнообразие по STR-маркёрам симментальской и красной степной пород……..... 62
3.2.2 Популяционно-генетическая характеристика симментальской и красной степной пород по STR-маркёрам…….. 66
3.3 Влияние генотипов на хозяйственно-ценные признаки молочных пород…….. 74
3.3.1 Связь генотипов с молочной продуктивностью и воспроизводительными качествами коров симментальской породы……..... 74
3.3.2 Связь генотипов с молочной продуктивностью и воспроизводительными качествами коров красной степной породы……. 82
3.4 Сыропригодность и качественный состав молока…….. 86
3.5 Связь генотипов с биохимическим статусом коров……... 91
ЗАКЛЮЧЕНИЕ……. 95
ПРЕДЛОЖЕНИЯ ПРОИЗВОДСТВУ……. 99
ПЕРСПЕКТИВЫ ДАЛЬНЕЙШЕЙ РАЗРАБОТКИ ТЕМЫ…….. 99
СПИСОК СОКРАЩЕНИЙ И УСЛОВНЫХ ОБОЗНАЧЕНИЙ…… 100
БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК……. 102
ПРИЛОЖЕНИЕ…… 135
Приложение1–Популяционно-генетические параметры стад симментальской и красной степной пород……. 135
Приложение 2– Частота аллелей в локусах микросаттелитов…….. 136
Приложение 3 – Генетическое равновесие в стадах молочных пород Запад-ной Сибири по STR- маркёрам…….. 142

ВВЕДЕНИЕ

Актуальность темы исследований. Численность симментальской и красной степной породы неуклонно сокращается. По данным Ежегодника ВНИИплем за 2025 г. поголовье симментальской породы по сравнению с 2010 г. сократилось с 9,58 % до 2,39 %, красной степной – с 4,54 % до 1,81 %. В настоящее время в среднем по России удой симментальской породы составляет 6320 кг, красной степной – 5721 кг, что значительно ниже, в сравнении с самой высокоудойной голштинской породой, однако они превосходят её по содержанию жира и белка.

Породное совершенствование осуществляется за счёт импортного материала, оценки и отбора лучших животных [Громова Т.В., Камардина И.А. ,2021; Чеченихина О.С., Мустафина А.А., 2023; Петрова М.Ю. и др., 2021; Иванова И.П., Троценко И.В., 2023]. При улучшении кормления коров качественный состав молока значительно улучшается [Обрушникова Л.Ф. и др., 2023].

Как известно, маркёр-ассоциированная селекция позволяет идентифицировать каждое животное по комплексу генов, изучать генетический статус отдельной породы или стада и разрабатывать эффективную стратегию достижения результата [Калашникова Л.А. и др.,2023].

В настоящее время находят всё более широкое распространение два типа генетических маркеров, среди которых наиболее приемлемые для массового генотипирования SNP, связанные с белковым, жировым обменом, гормональным статусом и др., и STR (микросателлитные локусы), которые взаимно дополняют друг друга и позволяют наиболее полно характеризовать генетический профиль отдельного животного, а также стада или популяцию в целом.

К наиболее перспективным генам молочного скотоводства относятся гены *CSN3, BLG, LEP, TNF-α, ORL1, SCD1, Pit1,* ассоциативная связь которых с селекционно-значимыми признаками, несмотря на неоднозначность результатов, в большинстве случаев установлена. Для симментальской породы особое значение имеет ген *CSN3,* поскольку его генотип $CSN3^{BB}$ связан с повышенной белковомолочностью, лучшими коагуляционными свойствами молока, что обеспечивает высокую

сыропригодность [Басонов О.А. и др. 2025; Афонина Д.А. и др. 2025; Гатилова Е.В., 2020; Зиннатов Ф.Ф. и др.,2024; Фолин П.Ю. и др. 2023; Глотова Г.Н., Позолотина В.А., 2021].

Бета-лактоглобулин является основным белком сыворотки молока. Белок молочной сыворотки *BLG*, как показано в исследованиях российских учёных [Зиннатов Ф.Ф. и др. 2024; Лиходеевская О.Е. и др. 2024; Гильманов Х.Х. и др., 2020] оказывает влияние на удой, содержание жира и белка в молоке коров разных пород, однако данные не всегда однозначные.

Высокополиморфный ген *LEP,* кодирующий образование одноимённого гормона, представляет интерес в контроле жирового обмена и регулировании живой массы, энергии роста молодняка, поддержании гомеостаза липидов и глюкозы [Чаицкая К.Д. и др. 2024 Тюлькин С.В., и др. 2019; Варламова М.И. и др., 2020].

Ген *TNF-α* кодирует белок фактор некроза опухоли альфа – провоспалительный цитокин, активируется при инфекциях, повреждении тканей и аутоиммунных процессах. В селекции животных используется как маркёр повышения устойчивости к болезням, таким как мастит, иммунном ответе, молочной продуктивности и воспроизводительной способности [Калашникова Л.А и др.2023; Cheng Y, Huang C, Tsai H., 2016; Сафина Н. и др. 2022; Крыцына Т.И. и др., 2015].

Ген *SCD1* кодирует одноимённый фермент Стеароил-КоА-десатураза (SCD), катализирующий превращение насыщенных жирных кислот в мононенасыщенные. Его функция связана с содержанием жира в тканях и чувствительностью к инсулину и обмену веществ, регуляцией триглицеридов в клетке, [Ntambi J.M. at.al.,2002 Sampath H., at.al.,2009]. Его генотипы связаны с удоем, содержанием жира и белка, а также репродуктивными качествами коров и тёлок [Зарипов О.Г., 2023; Позовникова М.В. и др., 2017; Юльметьева Ю.Р и др. 2018; Зиннатов Ф.Ф., и др., 2022; Лейбова В.Б., Позовникова М.В., 2020; 2021].

Ген *Pit-1* (гипофизарно-специфический фактор транскрипции), контролирует транскрипцию генов пролактина, тиреотропина и соматотропина (гормона роста),

поэтому может рассматриваться как маркёр качественного состава молока и мясной продуктивности [E. B. Crenshaw, K. Kalla1989; Суржикова и др. 2025; Ганутдинова Э.Р. и др., 2019; Зарубежнова Д.В. и др., 2025; Михайленко Т.Н., 2018].

Рецептор окисленных липопротеинов низкой плотности 1 (рецептор Ox-LDL 1), также известный как рецептор окисленных липопротеинов низкой плотности лектинового типа 1. Ген *OLR* связан с составом молока, что подтверждено рядом у

ч Другим, наиболее востребованным типом маркёров для массовых генетических йисследований, являются высоко полиморфные микросателлитные локусы (STR-маркёры –-short tandem repeat). Они широко используются в практической селекции для установления происхождения животных, а также изучения филогенетической связи пород, оценки генетического разнообразия, родственных отношений, связанных с их генезисом, степенью инбридинга [Айтназаров Р.Б., и др.2021, Абдельманова А.С., 2023.].

К Маркёр-ориентированная селекция, несмотря на довольно успешные исследования в молочном скотоводстве, остаётся фрагментарной при изучении генетических особенностей симментальской и красной степной пород, разводимых в Западной Сибири. Использование двух типов генетических маркёров (SNPs и STR) позволят раскрыть потенциал пород, выявить желательные генотипы, определить гомо- и гетерозиготность, генетическое сходство и различие между породами и стадами, что будет актуально для разработки перспективных планов совершенствования и сохранения этих пород.

. **Степень разработанности темы.** Настоящие исследования проведены в сравнительной оценке с данными российских и зарубежных учёных по изучению полиморфизма генов белков молока, гормонов и ферментов молочного скота, перечень которых постоянно расширяется. Накоплен достаточно обширный экспериментальный материал по оценке наиболее распространённой голштинской породы, но также и локальных отечественных пород, таких как холмогорская [Калашникова Л.А. и др., 2024]. Значительный объём исследований проведён по изучению джерсейской и других пород Татарстана [Зарубежнова 2025; Зиннатов Ф.Ф. 2024].

a

n

g

В последнее время, из-за снижения воспроизводительной способности коров и сокращения продуктивного долголетия, всё больше вызывает интерес гены, связанные с белковым и жировым обменом [Гетманцева Л.В., и др., 2014; Зарубежнова Д.В., 2025; Павлова Н.И. и др. 2026; Гильманов Х.Х., и др., 2020; Чижова Л.Н. и др. 2020; Тюлькин С.В. и др., 2019; Karimi K. et.al,2009;. Bohlouli M. et.al, 2022; Sadeghi, M. et.al, 2022].

Постоянно расширяются исследования генома пород с использованием STR-маркёров, как эффективных и наиболее приемлемых для массового анализа [Абдельманова А.С. и др. 2025; Столповский Ю.А.2021; Недашковский И.С.2025; Айтназаров Р.Б. и др. 2021; Петров А.Ф., Камалдинов Е.В., 2024]. Накапливается массив данных по каждой породе, что может служить в дальнейшем для мониторинга изменения генома в историческом аспекте либо при скрещиваниях, а также между породами с разным генезисом.

Целью настоящей работы является оценка генетической структуры племенных стад симментальской и красной степной породы по SNP и STR маркерам, выявление ассоциативных связей генотипов генов *CSN3, BLG, LEP, TNF-α, ORL1, SCD1, Pit1* с молочной продуктивностью, воспроизводительными способностями, биохимическим статусом и сыропригодностью молока.

Задачи исследования:

1. Провести ПЦР-ПДРФ и АС-ПДРФ генотипирование симментальской и к
р
а 2. Дать сравнительную оценку селекционно-генетическим параметрам симментальской и красной степной пород крупного рогатого скота по SNP- маркёрам.
о 3. Изучить аллельный полиморфизм локусов микросателлитов симменйтальской и красной степной пород.
4. Оценить популяционно-генетическую характеристику симментальской и красной степной пород по STR-маркёрам.
т
е
п

SCD1, OLR1 на молочную продуктивность и воспроизводительные качества коров симментальской и красной степной пород.

6. Оценить качество молока и сыропригодность коров симментальской и красной степной пород разных генотипов.

7. Определить влияние генотипов и условий содержания на биохимический статус коров.

Научная новизна исследований. Впервые дана комплексная оценка генотипической структуры симментальской и красной степной пород Западной Сибири по генам *CSN3, BLG, LEP, TNF-α, Pit1, SCD, OLR* и 16 локусам микросателлитов. Определена изменчивость частот генотипов и аллелей и дана сравнительная оценка популяционно-генетических параметров этих пород. Выявлены филогенетические связи между отдельными стадами симментальской и красной степной пород. Установлено влияние генотипов белков молока и гормонов на показатели молочной продуктивности, воспроизводительной способности, биохимического статуса и сыропригодность молока коров.

Теоретическая и практическая значимость работы. Полученные данные генотипирования симментальской и красной степной пород пополнят базу данных генотипов российских молочных пород. Показаны сходные результаты филогенетического анализа и генотипической структуры, установленные двумя типами генетических маркёров – SNP и STR. Выявлены приоритетные генотипы, оказывающие влияние на хозяйственно-ценные признаки, что может использоваться в дальнейшей практической селекции. Показано внутрипородное и межпородное генетическое сходство, а также различие, обусловленное формированием стад.

Полученные данные могут быть использованы в дальнейшем при мониторинге изменчивости популяций и в сравнительном аспекте с другими российскими и зарубежными породами, а также при подготовке специалистов биологического и зооветеринарного профиля.

Положения, выносимые на защиту:

1. Симментальская и красная степная порода имеют сходство и различие в полиморфизме *CSN3, BLG, LEP, TNF-α, Pit1, SCD1, OLR1* генов, обусловленное породной принадлежностью и особенностями селекции.

2. Генетические параметры сравниваемых пород по SNP- маркёрам находятся в равновесии на фоне специфических различий по аллелям генов *CSN3, BLG, LEP, TNF-α, Pit1, SCD1, OLR1*.

3. Частоты генотипов и аллелей STR -локусов характеризуют генетические особенности симментальской и красной степной пород, отражают внутрипородное разнообразие и степень сходства между стадами.

4. Генетико-статический анализ аллелофонда стад симментальской и красной степной пород по STR-маркёрам показывает достаточный уровень генетического разнообразия и отображает отсутствие инбридинга в стадах.

5. Выявленные ассоциативные связи генотипов *CSN3, BLG, LEP, TNF-α, Pit1, SCD1, OLR1* генов свидетельствуют о влиянии генотипов на формирование фенотипических признаков.

6. Качественный состав молока и его сыропригодность зависят от породной принадлежности и эколого-географических зон разведения и генотипа *CSN3.*

7. Биохимический состав крови коров в большей степени зависит от условий содержания и в меньшей степени от генотипов.

Методология и методы исследований основывалась на анализе экспериментальных работ отечественных и зарубежных авторов в области молекулярно-генетических исследований в молочном скотоводстве с применением ПЦР-ПДРФ и АС-ПДРФ и микросателлитного анализа, согласно описанным и апробированным методикам. Исследования проведены на племенных животных, продуктивность которых учитывалась по данным зоотехнического учёта. Обработка экспериментальных данных выполнялась с использованием статистического, популяционно-генетического анализа с применением программы Microsoft Excel, кроссплатформенного пакета GenAlEx (Genetic Analysis in Excel), статистической программы PAST.

Степень достоверности и апробация результатов исследований. Достоверность полученных результатов обеспечивается достаточным объёмом исследуемых животных, применением стандартных или апробированных методов генетического и зоотехнического анализа, современного оборудования и современной статистической обработки данных с использованием соответствующего программного обеспечения.

Основные результаты исследований доложены на заседаниях учёного совета СФНЦА РАН (2022-2025) и апробированы на:

- научно – практической конференции научного общества студентов и аспирантов биолого-технологического факультета Новосибирского ГАУ, посвященной памяти профессора Ивана Ивановича Гудилина «Проблемы биологии, зоотехнии и биотехнологии» (Новосибирск, 2021);

-круглом столе «Проблемы животноводства глазами молодых ученых» (Новосибирск, 2022);

-международном научном форуме, посвященном 95-летию со дня основания ВИЖа и 95-летию со дня рождения академика Л.К. Эрнста, «Современные достижения и проблемы разведения, селекции, генетики биотехнологии в животноводстве» (Подольск, 2024);

-X Международной научно-практической конференции, Молодые ученые: современный взгляд на будущее АПК» (Краснообск, 2025);

-XXVIII Международном научно-практическом форуме, посвященном памяти академика РАН А.С. Донченко «Аграрная наука – сельскохозяйственному производству СНГ и BRICS» (Краснообск,2026).

По материалам диссертации опубликовано 9 работ научных работ, в том числе 6 в изданиях, рекомендованных ВАК РФ, из них 3 журнала «биологические науки».

Структура и объём диссертации. Диссертация изложена на 143 страницах содержит 30 таблиц, 9 рисунков. Состоит из введения, обзора литературы, материалов и методов исследований, результатов собственных исследований, заключения, предложений производству, списка сокращений и условных обозначений, списка

литературы, приложения. Список использованной литературы, включает 230 источников, в том числе 67 на иностранных языках.

Благодарность. Автор выражает глубочайшую признательность и искреннюю благодарность научному руководителю Гончаренко Галине Моисеевне за высокий профессионализм, мудрое руководство и неоценимую поддержку на протяжении всех этапов выполнения настоящей работы.

Особая благодарность выражается коллективу лаборатории биотехнологий института животноводства СФНЦА РАН Хорошиловой Т.С., Халиной О.Л. и Гришиной Н.Б. за большой вклад в проведении исследований и всестороннюю поддержку во время подготовки данной работы.

1. ОБЗОР ЛИТЕРАТУРЫ

1.1 Характеристика продуктивных качеств молочных пород скота Западной Сибири

Симментальская порода является одной из древнейших пород крупного рогатого скота выведенная в Швейцарии. Название породы происходит от долины реки Симме в кантоне Берн. Благодаря хорошей способности этой породы к акклиматизации, она получила широкое распространение во всем мире. В дальнейшим на базе симменталов были созданы породы: болгарская красная, венгерская пёстрая, словацкая красно-пёстрая, сычёвская, монбельярдская, флекфи, и другие.

В России симментальская порода известна с 19 века. В настоящее время численность животных составляет 2,39 тыс. голов, тогда как в 2010 г. было 9,58 тыс. голов. Однако при этом удой коров за это время увеличился с 3791 кг до 6320 кг. Генетический потенциал породы не реализован полностью. В лучших племенных хозяйствах Смоленской области, Красноярского края, Тамбовского области удой коров этой породы около 10 тыс. кг, при высоком содержании жира и белка [Ежегодник ВНИИплем ,2025].

Основная масть породы – красно-пёстрая, красная с белой головой, палевая, палево-пёстрая. Животные имеют крепкую конституцию и пропорциональное телосложение. Высота в холке составляет 135 – 140 см, длина туловища 160-165 см, обхват пясти 20-21 см. Голова крупная, с широким лбом, грудь глубокая (у быков с развитым подгрудком), спина широкая, крестец приподнят, мышцы хорошо развиты, кожа толстая, вымя чаще округлое, чашеобразное, соски крупные. Взрослые коровы весят 540-650 кг, быки 900-1200 кг. Максимальная масса коров достигает 880 кг, быков 1300 кг [Костомахин Н.М., 2011, Самарин С.А., Шаравьёв В.П., 2019; Mazurovsky L.Z. 2001].

В племенных хозяйствах удои на уровне 5000-5500 кг, жирномолочность 4,0-4,1 %. В фермерских хозяйствах удои коров значительно ниже (4,0 - 5,5 тыс. кг за лактацию). В породе есть рекордистки: Мальвина (14450 кг – жирность 3,9 %), Чернощёкая (14008 кг – жирность 4,56 %), Летка (15057 кг – жирность 4,85 %). При этом стоит учитывать, что коровы симментальской породы лактируют до 15 лет. В

2021 году в племенных хозяйствах от коров-рекордсменок симментальской породы получено 11000 – 12500 кг молока, а в племрепродукторах Тамбовской и Липецкой областей по 15000-18000 кг [Ежегодник ВНИИПЛЕМ, 2024].

Благодаря крепкой конституции, пластичности, хорошей приспособленности к неблагоприятным условиям содержания, симментальская порода широко используется для совершенствования и создания новых типов и пород, в частности таких как якутский зональный тип симментальской породы. На фоне улучшенного кормления, использования лучших быков-производителей были заложены локальные генеалогические группы. Дальнейшая работа сводилась к увеличению маточного поголовья желательного типа при разведении их «в себе», распространение внутри республики сформированного типа. [Охлопков С.С.,2011]. По данным бонитировки 2010 года, средний удой коров якутского типа симментальской породы составил 2138 кг с жирностью 3,96%, при средней живой массе 424 кг [Романова В.В., 2012].

Следует особо отметить, что коровы симментальской породы обладают повышенной жирномолочностью, что является отличительным качеством породы [Романова В.В., 2012, Гончаренко Г.М. и др., 2024]. В то же время в исследовании [Игнатьева Л. П., Сермягин А.А., 2024] было установлено, что пожизненная молочная продуктивность достоверно выше у коров симментальской породы импортного происхождения (от +824 кг молока при выбытии после первой лактации, до +4210 кг при выбытии после десятой лактации). Отечественные симменталы отличались более длительным использованием, в среднем на 2 лактации, в сравнении с импортными. В алтайском крае породу постоянно совершенствуют путём подбора лучших быков отечественной и импортной селекции [Громова Т.В., Камардина И.А., 2021].

Красная степная порода – это порода молочного направления, которая была выведена в южных регионах Украины путём скрещивания местного украинского скота с красными породами из Западной Европы. Она хорошо приспособлена к жаркому климату, засухам и скудным пастбищам, что делает её востребованной в степных и засушливых регионах.

Порода выведена в степной зоне Новороссии от смешения местных пород коров с животными, завезёнными переселенцами из России в XVIII веке, и красными остфризскими коровами немцев-меннонитов, которые селились с 1789 года в окрестностях Мелитополя. Впоследствии порода была улучшена целенаправленным прилитием крови вильстермаршских, англерских и красных датских коров. Планомерная селекционная работа с красной степной породой ведётся с 1920-х годов. В 1923 году была учреждена племенная книга. [Солдатов А.П. и др., 2001].

Животные красной степной породы имеют равномерный красный окрас – от светло-коричневого до тёмно-красного. Иногда встречаются белые пятна в нижней части тела.

Красная степная порода хорошо переносит жару и периодические летние засухи. Животные способны нагуливать вес на скудных степных пастбищах и практически не терять его за зимний период. Благодаря этим свойствам красный степной скот распространился на огромных территориях – от Кубани и Северного Кавказа до Средней Азии и Западной Сибири. В трудных климатических условиях засушливых территорий, при недостатке сочных кормов красная степная порода остаётся единственной районированной.

Молочная продуктивность зависит от климатической зоны. В сильно засушливых степных регионах от коровы вряд ли можно получить больше 3–3,5 тонн молока за год. В прохладных зонах при хорошем уходе от красных степных коров получают порядка 10 тонн молока за лактацию [Валитов Х.З. и др., 2020].

В настоящее время наблюдается значительное снижение численности поголовья породы. В 2010 г. она составляла 4,54 тыс. голов, в 2025 лишь 1,81 тыс. голов. Удой коров за 2025 г в среднем составляет 5721 кг, содержание жира в молоке 4,04 %, белка 3,26%. В лучших племенных хозяйствах удой коров достигает 8800 кг [Ежегодник ВНИИплем ,2025].

В результате селекционной работы в России сформировались три внутрипородных типа: кубанский, сибирский и кулундинский, имеющие свои фенотипические и генотипические особенности, связанные с историей их создания.

Кубанский тип красной степной породы создан с использованием обильно-молочной голштинской породы. Удой коров в зависимости от кровности варьирует от 7500 кг до 8200 кг. Животные отличаются высокими воспроизводительными способностями (90 телят на 100 коров). [Биджиева А.А, Текеев М.-А.Э. и др., 2020; Карамаев С., 2020].

Кулундинский зональный тип создан методом сложного воспроизводительного скрещивания с анлерской, красной датской и красно-пёстрой голштинской породами. Тип отличался удлинённым хорошо развитым и глубоким туловищем, и хорошо прикреплённым выменем. Удой коров в лучших племенных хозяйствах составлял 4000 – 4600 кг с содержанием жира 3,60 – 4,46 %. Живая масса коров достигала 482 кг [Рудишина Н.М., и др., 2007]. Особую ценность в созданном типе имеют коровы с желательным типом конституции, от которых можно получить наиболее высокий удой с повышенным содержанием жира [Симошина Ю.Н., и др., 2014; Иванова И.П., и др. 2023].

Сибирский тип создан с использованием высокоудойной голштинской породы. Коровы этого типа крупнее других и относятся к обильномолочному типу. На племзаводе «Богодуховское» в Омской области от особей-рекордсменок сибирского типа красной степной породы получают от 10000 до 11500 кг молока, с жирностью 3,75%, живая масса коров составляет 550–600 кг [Петрова М.Ю., и др., 2021].

Тем не менее, в условиях интенсификации молочного животноводства красная степная порода активно вытесняется более продуктивными и лучше приспособленными к промышленной технологии, породами. Однако в засушливых регионах она остаётся востребованной благодаря её адаптивным свойствам [Панин В.А.,2020].

Для повышения конкурентоспособности породы ведётся селекционно-племенная работа с использованием традиционных методов и новых подходов: бонитировка, оценка племенной ценности быков-производителей, отбор и подбор животных, формирование селекционного ядра, выбраковка коров с неудовлетворительными показателями. На фоне сбалансированного питания существует реальная

возможность сохранения её генофонда и дальнейшее совершенствование до уровня мировых пород [Петрова М. Ю. и др., 2023, Гукежев В.М., 2021; Обрушникова Л.Ф., и др. 2023; Петрова М.Ю., и др. 2021]. Внедрение новых методов, таких как генотипирование и расчёт прогнозной генетической ценности маточного поголовья по показателям молочной продуктивности с учетом весовых коэффициентов экономически значимых признаков по методу BLUP, позволяет отбирать лучших коров для комплектования стада [Шевчук А.П., и др., 2025].

1.2 Полиморфизм генов

Использование методов генетического анализа позволяет проводить отбор с желательными генотипами, связанными с фенотипическими признаками животных на ранних стадиях их развития.

Внедрение современной молекулярной генетики в традиционную селекцию позволяет увеличивать частоту генов, контролирующих количественные и качественные продуктивные признаки, снижать генетический груз мутаций, контролировать племенные записи происхождения сельскохозяйственных животных и давать более точную прогнозную оценку генетического потенциала продуктивности животных.

1.2.1 Каппа-казеин (*CSN3)*

Казеины (от лат. caseus – сыр) составляют 80% от всех белков молока и относятся к наиболее ценным пищевым белкам, в состав которых входит полный набор незаменимых аминокислот. Кроме того, казеины содержат много кальция и фосфора [Fiat A.M., Jolles P.,1989].

Казеины в молоке находятся в форме кальций-фосфатных мицелл (тончайших нитей), в стабилизации которых решающую роль играет каппа-казеин (к-казеин). Это единственный белок, на который действует сычужный фермент [Holt C., Sawyer L.,1988].

Ген каппа-казеина (CSN3) находится в 6 хромосоме, имеет размер 13 т.п.н. и состоит из 5 экзонов общей длиной 850 п.н. и 4-х интронов [Ciampolini R.,1995]. Большая часть белок-кодирующей последовательности находится в одном большом экзоне IV, кодирующем функционально важный участок белка, расщепление которого приводит к разрушению мицеллярной структуры казеинового комплекса и створаживанию молока [Bringe N.A., Kissela J.E.,1987].

Ген *CSN3* встречается в нескольких вариантах, которые выявляются посредством электрофоретического разделения казеиновой фракции в полиакриламидном геле. Основой белкового полиморфизма *CSN3* являются единичные аминокислотные замены. Было выделено всего 7 аллелей каппа-казеина, такие как *A, B, C, E, F, G, H,* к наиболее часто встречающимся вариантам (или аллелям) относятся *A* и *B,* различающиеся двумя аминокислотными заменами, которые встречаются во всех породах скота, но с различной частотой [Grosclaude F.,1972, Гончаренко И.В., Гузеев Ю.В., 2011, Гончаренко Г.М. и др. 2024, Podrechneva I.Y., et.al. 2020]. Варианты указываются в порядке уменьшения электрофоретической подвижности. Например, аллель *B* имеет меньшую электрофоретическую подвижность, чем *A* и *C*. [Ярлыков Н. Г., Тамарова Р.В.,2008].

В разных популяциях черно-пёстрого скота наблюдаются различия в соотношениях генотипов *CSN3*. Например, в Омской области у коров этой породы чаще всего встречался генотип *AA* (до 68% в некоторых группах), тогда как аллель *B* был редким - только 2% животных имели это аллель. В алтайской популяции черно-пёстрого скота наиболее распространённым генотипом был $CSN3^{AA}$ (57,1%), а аллель $CSN3^{B}$ и генотип $CSN3^{BB}$ встречались у 25,7% и 8,6% животных соответственно. Между аллелем $CSN3^{B}$ и удоем за лактацию отмечена умеренная отрицательная корреляция (коэффициент корреляции находился на уровне 0,52) [Иванова И.П., Троценко И.В.,2024; Сарычев В.А., Афанасьева А.И.,2024].

У голштинских коров часто преобладает аллель *A* и генотип *AA* гена *CSN3*. Например, у импортированных в Рязанскую область голштинских коров канадской селекции частота аллеля *A* составляла 0,740, а у животных венгерской селекции

0,834. При этом в некоторых исследованиях отмечалась высокая частота гетерозиготного генотипа *CSN3*^{AB} – до 46,7%, например, в голштинской породы [Гаджиев З.К., и др., 2025; Новиков Д.В., и др., 2014].

Костромская порода отличается высокой частотой *CSN3*^{B} и генотипа *CSN3*^{BB}. В некоторых исследованиях частота *CSN3*^{B} достигала 59,5%, а суммарная частота животных с генотипами *AB* и *BB* – 62,4%. В СПК «Гридино» частота генотипа *BB* была особенно высокой и достигала 76,2%. Молоко коров костромской породы с генотипом *BB* обладает оптимальными свойствами для сыроделия: оно характеризуется лучшим образованием казеинового сгустка и меньшим расходом сырья на производство сыра [Сулимова Г.Е. и др., 2011].

В исследованиях красной степной породы чаще всего встречался гомозиготный генотип *CSN3*^{AA}, в некоторых выборках достигала до 62,3%. Частота желательного гомозиготного *CSN3*^{BB}-генотипа была наименьшей – около 5,7%. [Гаджиев З.К., и др., 2025].

По сообщениям [Подречнева И. Ю., и др., 2020] в джерсейской породе была определена частота генотипов *CSN3*, где желательный генотип *CSN3*^{BB} находился на уровне 0,6923, *CSN3*^{AA} – 0,0769; *CSN3*^{AB} – 0,2308, тогда как в голштинской породе частота генотипов распределилась следующим образом: *CSN3*^{AA} – 0,5000; *CSN3*^{AB} – 0,3587 и *CSN3*^{BB} – 0,1413. Как и в случае с джерсейской породой, у бурой швицкой породы отмечается высокая частота генотипа *CSN3*^{BB} – около 50%.

В исследованиях симментальской породы частота генотипов *CSN3*^{AA} и *CSN3*^{BB} составляла примерно 27% и 24% соответственно [Джаксыбаева Г.Г., Кочнев Н.Н.,2025].

Частота генотипов *CSN3* значительно варьирует в зависимости от породы. Генотип *CSN3*^{BB}, связанный с улучшенными сыродельческими качествами молока, чаще встречается в костромской, джерсейской и бурой швицкой породах. В черно-пёстрой и голштинской породах чаще преобладает аллель *CSN3*^{A} и генотип *CSN3*^{AA}. Авторы приходят к выводу, что селекционная работа с учётом полиморфизма гена

CSN3 и накопления желательных генотипов в стаде, может повысить эффективность производства молока с заданными технологическими свойствами [Глотова Г.Н. Позолотина В.А.,2021, Чаицкий А.А., и др. 2022; Holt C. et.al. 1988]

Аналогичные исследования проведены [Лоретц О.Г., и др., 2014; Хаертдинов Р.А., и др., 2017]. Показано, что Аллель $CSN3^{B}$ гена каппа-казеина ассоциирован с более высоким содержанием белка в молоке, более коротким временем свертывания молока под действием сычужного фермента, лучшим качеством сгустка, большим выходом белковомолочных продуктов лучшего качества. Также на коровах ярославской породы установлено, что животные с генотипом $CSN3^{BB}$ обладают оптимальной способностью к образованию плотного казеинового сгустка, что важно для производства твёрдых сортов сыров. У коров с генотипом $CSN3^{AA}$ наблюдался рыхлый или дряблый сычужный сгусток [Тамарова, Р. В., Ярлыков Н. Г., 2009].

При этом показано, что молоко с генотипом $CSN3^{BB}$ требует меньше сырья для производства 1 кг сыра, независимо от породы. Например, от костромской породы коров с этим генотипом из 10 кг молока получалось на 1,74 кг сыра больше, чем от коров с генотипом $CSN3^{AA}$, у коров чёрно-пёстрой породы это различие составило 1,52 кг. Органолептическая оценка показала, что сыр из молока костромской породы с генотипом $CSN3^{BB}$ имел лучшие вкусовые качества [Лемякин А.Д. и др., 2022].

Кроме того, в молоке коров с генотипом $CSN3^{BB}$ установлены и другие выгодные характеристики. Так у коров голштинской породы с генотипом $CSN3^{BB}$ молоко отличается высоким содержанием белка, жира, кальция и фосфора по сравнению с животными с генотипами $CSN3^{AA}$ или $CSN3^{AB}$. Такое молоко характеризуется повышенными показателями содержания сухих веществ, кислотности и калорийности [Афонина Д.А., и др., 2025].

По связи генотипов гена *CSN3* молочной продуктивностью однозначных результатов не получено. Одними авторами установлено, что гомозиготный генотип $CSN3^{BB}$ оказывает положительное влияние на повышение удоя, выход молочного белка и жира в молоке по сравнению с другими генотипами [Джаксыбаева Г.Г., Кочнев Н.Н.,2025]. Аналогичная зависимость выявлена у коров самарского типа

чёрно-пёстрой породы. Более высокий удой по первой лактации был выявлен у животных с генотипом *CSN3*^{BB}. Кроме того, жирность молока первотелок с этим генотипом составила 4,11%, что выше по сравнению с первотелками, имеющими генотип *CSN3*^{AA} на 0,16 % [Грашин В.А., Грашин А.А., 2011].

Однако следует отметить, что в исследованиях [Фомин П.Ю., и др., 2023] на коровах симментальской породы были выявлены другие приоритетные генотипы. Коровы с генотипом *CSN3*^{AA} имели более высокий удой по первой лактации на 596,8 кг, в сравнении с генотипом *CSN3*^{AB} и на 228,5 кг генотипа *CSN3*^{BB}. Также отмечено превосходство и по выходу молочного жира (КМЖ) на 28 кг и 15.4 кг и молочного белка (КМД) на 19,4 кг и 8,5 кг соответственно.

Сходные результаты получены в исследованиях [Четвертакова Е.В., и др., 2012]. У коров красно-пёстрой породы с генотипом *CSN3*^{BB} отмечен более низкий удой на 513 кг, чем у животных с генотипом *CSN3*^{AB} и на 455 кг, чем *CSN3*^{AA}. Однако эти животные имели превосходство по содержанию жира на 0,08% - 0,11% в сравнении с альтернативными генотипами.

Приоритетность генотипа *CSN3*^{AB} в отношении удоя установлена у коров голштинской породы с учётом линейной принадлежности [Басонов О.А., и др., 2025]. Также показано, что гетерозиготные первотёлки чёрно-пёстрой породы с генотипом *CSN3*^{AB} по каппа-казеину превосходили по удою за 305 дней лактации животных с *CSN3*^{AA} на 422,4 кг. Кроме того, превосходство отмечено и по выходу молочного жира (КМЖ) и молочного белка (КМД) за первую лактацию [Снигирев С.О., и др., 2023].

При анализе молочной продуктивности коров симментальской породы установлено превосходство животных по белковомолочности с генотипом *CSN3*^{AB}, у которых содержание белка в молоке находится в пределах 3,39%, у коров с генотипом *CSN3*^{AA} – 3,33% [Зырянова А.А., и др., 2026]. Кроме того, показано, что он оказывает существенное влияние на содержание массовой доли белка и выход молочного белка в молоке коров ($\eta 2$ =0,246; $\eta 2$ =0,053) [Загидуллин Л.Р., и др., 2022].

Благодаря доказанной путём многочисленных исследований связи генотипа *CSN3* с показателями молочной продуктивности и, особенно, белковомолочности и

улучшенными технологическими свойствами молока, тест на полиморфизм этого гена является обязательным для племенных животных молочных пород.

1.2.2 Бета-лактоглобулин (BLG)

Бета-лактоглобулин - представляет собой очень ценный компонент молока, необходимый для роста молодняка, поэтому является главным белком молочной сыворотки. Кроме того, данные белки молока усваиваются организмом на 96-98 % [Medrano, J.F., Aguilar-Cordova, 1990]. Благодаря этим свойствам они используются при производстве молочных смесей для питания человека [Хаертдинов Р.А., 1988].

Ген бета-лактоглобулина достаточно большой 4662 п.н. и состоит из 7-и экзонов и 6 интронов. Длина цепи белка бета-лактоглобулина составляет 178 аминокислот [Karimi K.,2009; M. Bohlouli, 2022; Chess, S., 2015]. В настоящее время известно 11 аллелей β-лактоглобулина, обозначенных как *A, B, C, D, E, F, G, H, X*, *Dr* и *W* из которых *A* и *B* являются доминантными [Тюлькин С.В. 2018; Грибанова Ж. А., О. П. Курак, 2012].

Ген бета-лактоглобулина (*BLG*) отвечает за белковомолочность и показатель биологической ценности молока. Вариант BLG^B связан с высоким содержанием в молоке казеиновых белков, высоким процентом жира, а вариант BLG^A связывают с высоким удоем и содержанием сывороточных белков [Strzalkowska N. 2002]. Однако в ряде исследований высокий удой выявлен у гетерозиготных коров BLG^{AB} [Tsiaris A. M., 2005].

Частота генотипов гена *BLG* в молочных породах заметно различается. В голштинской породе крупного рогатого скота частота генотипов составляет: BLG^{AA} – 20,2 %; BLG^{AB}- 54,5 %, BLG^{BB} – 25,3 %. Соответственно частота аллеля BLG^A – 0,47, частота аллея BLG^B – 0,53 % [Зинатов Ф.Ф. и др., 2024, а, б].

У коров голштинизированной черно-пестрой породы в Ленинградской области частота гетерозиготного генотипа BLG^{AB} составляла 0,601, гомозиготных генотипов BLG^{AA} и BLG^{BB} соответственно – 0,174 и 0,225, тогда как у коров и айрширской породы частота генотипа BLG^{AA} находилась на уровне - 0,123, BLG^{AB} – 0,353 и BLG^{BB} – 0,523. Соответственно частоты аллелей BLG^{A} и BLG^{B} составляют в голштинской породе – 0,475 и 0,525; айрширской - 0,30 и 0,70 [Позовникова М. В. и др., 2018; Погорельский И.А.,2014].

У голштинских коров канадской селекции большая часть (87%) содержала аллель BLG^{B}, связанный с лучшими технологическими свойствами молока. Преобладал гетерозиготный генотип BLG^{AB} (52%), генотип BLG^{B} встречался у 35% коров. Частота аллеля BLG^{B} этого гена у коров канадской селекции достигла 0,609. У голштинских коров венгерской селекции частота аллеля BLG^{B} была ниже – 0,528. Аллель BLG^{B} в своём генотипе имели 75% коров, из них 30% – с гомозиготным генотипом BLG^{B} [Новиков Д.В., и др., 2014].

Аналогичные исследования по изучению полиморфизма гена *BLG* проведены на голштинской породе авторами [Гильманов Х.Х и др. 2020; Soyudal B. et al., 2019; Molee A. et al., 2015; Сафина Н. Ю. и др., 2018; Morkûnienë K. et al., 2018; Ardicli S. et al., 2019; Semerci Ş. E. et al., 2022].

В популяции черно-пёстрого скота Республики Беларусь распределение генотипов было следующим: BLG^{AB} – 56,67%, BLG^{BB} – 43,33%. Частота аллелей BLG^{A} и BLG^{B} составила 0,284 и 0,716 соответственно. Выявлено нарушение генетического равновесия в сторону преобладания гетерозиготных особей BLG^{AB}, что могло быть связано с селекцией на увеличение молочной продуктивности [Епишко О.А., и др.,2014].

В исследованиях симментальской породы в разных стадах не было выявлено значимых различий в частоте генотипов гена *BLG*. При этом в некоторых стадах Сибири отмечалась относительно высокая частота генотипа *BB* – до 39% [Гончаренко Г.М. и др., 2017].

В условиях Республики Саха (Якутия) частота встречаемости желательного аллеля BLG^B у коров симментальской породы составляет 0,65, у холмогорской – 0,60, а у калмыцкой – 0,83 [Павлова Н. И. и др. 2016].

В латвийской бурой, латвийской голубой, латвийской черно-пестрой и голштинской, а также красно-пестрой голштинской, шведской красно-пестрой и датской красной породы выявлена высокая частота аллеля BLG^B (0,58–0,83) и генотипа BLG^{BB} (47–67 %) [Smiltina D., Grislis Z., 2018].

Однозначной связи генотипов гена *BLG* с продуктивными качествами в большинстве исследований не выявлено, они могут меняться в зависимости от лактации. Например, у коров белорусской чёрно-пёстрой породы более высокие показатели удоя за 305 дней лактации наблюдались у первотёлок с генотипом BLG^{AA}; у коров второй лактации – с генотипом BLG^{AB}; у коров третьей лактации – с генотипом BLG^{BB} [Михалюк А.Н. и др., 2021].

При сравнительной оценке стад чистопородных симменталов и первотелок симменталов скрещенных с голштинскими быками красно-пестрой масти было установлено, что с возрастом у чистопородных симментальских коров с генотипом BLG^{BB} наблюдается тенденция к повышению удоя в сравнении с альтернативными генотипами, особенно с вариантом BLG^{AA}. Разница по первой лактации между ними составляет лишь 96,6 кг, по третьей - 166, по четвертой и старше - 301,2 кг. [Гончаренко Г.М. и др.,2016].

Значительная часть исследований посвящена поиску связей генотипов гена *BLG* с белковомолочностью, хотя данные также противоречивые. Так, в исследованиях [Зиннатов Ф.Ф. и др. 2024] установлено, что с высоким содержанием в молоке казеиновых белков, большим процентом жира и лучшими параметрами казеинового коагулята связан аллель BLG^B. Молоко коров с генотипом BLG^{BB} характеризуется повышенным содержанием белка (на 5%), лактозы (на 2,5%) и сухих веществ (на 15,7%), по сравнению с молоком коров генотипа BLG^{AA}. По данным [Safina N., et al., 2024] также у коров с генотипом BLG^{AA} показатели были на 0,9–3,32% ниже, чем у животных с наличием аллеля *B* в гомо- или гетерозиготной форме. Однако

при этом установлено, что аллель *A*, напротив, связан с высоким содержанием сывороточных белков.

Несколько иные результаты были получены [Nikšić D. et al., 2021] при исследовании связи генотипов гена *BLG* у симментальских коров. Установлено, что гетерозиготные животные BLG^{AB} имели преимущество над гомозиготами по выходу молочного белка за 305 дней лактации (214,7 кг), превышающий результаты для генотипов BLG^{AA} и BLG^{BB} на 10,2 и 4,16 кг соответственно, хотя в процентном содержании белка в молоке различия были незначительные и составляли всего 0,02%.

В ряде сообщений показано, что аллель BLG^{B} ассоциируется с более высокими значениями жирномолочности [Погорельский И. А., Позовникова М. В., 2014; Погорельский И.А, Сердюк Г.Н., Позовникова М.В., 2014; Soyudal B. et al., 2018; Barbosa S. B. P. et al., 2019; Nikšić D. et al., 2021; Molee A. et al., 2015; Cendron F., 2021].

Бета-лактоглобулин участвует в реакции с казеином, что влияет на тепловую стабильность молока и задерживает процесс сычужного свёртывания. Аллель ^{B} считается более желательным с точки зрения технологических свойств молока, так как способствует образованию качественного казеинового сгустка. Например, у белорусской чёрно-пёстрой породы молоко коров с генотипом BLG^{BB} характеризовалось повышенным содержанием белка на 5% по сравнению с генотипом BLG^{AA}. В исследованиях голштинской породы также отмечалось, что наличие аллеля BLG^{B} в гомо- или гетерозиготной форме положительно влияло на уровень белка в молоке (на 0,9–3,32%), в сравнении с другими генотипами [Грибанова Ж. А., и др.,2012]. Аналогичные результаты получены [Рачкова Е. Н., и др., 2016, Şahin Semerci, E.et.al. 2022].

1.2.3 Лептин (*LEP*)

Основной функцией гормона лептина, кодируемого геном L*EP* является регуляция метаболизма липидов жировой ткани [Giblin L.,2010]. Ген *LEP* обладает

значительным полиморфизмом, среди которых наибольший интерес вызывают однонуклеотидные полиморфизмы A80V, Y7F и R25C. SNP локуса A80V в позиции 95690050 п.н. (2-й экзон), SNP локуса Y7F (A→T) – в позиции 95689996 п. н. (2-й экзон) [Komisarek J., 2010; Szyda, J., 2011].

Гормон синтезируется жировой тканью (клетками адипоцитами) и участвует в регуляции потребления корма и массы тела, энергетического баланса, фертильности и иммунных функций [Yoon D.H., 2005], играет важную роль в обмене веществ, особенно в отложении жира в организме; он участвует в регуляции пищевого поведения и может влиять на иммунную и репродуктивную функции [Komisarek J., 2010, Гончаренко Г.М. и др., 2024], а также на рост и строение животных.

По данным отечественных и зарубежных исследований частота генотипов гена *LEP* имеет значительные межпородные различия. Так, у коров голштинской породы Республики Татарстан частота генотипов составляла: LEP^{CC}-32,5%; LEP^{TC}-49,1%; LEP^{TT}-18,4% [Варламова М.И., и др., 2020].

Аналогичные частоты генотипов этого гены установлены в герефордской породе мясного скота LEP^{CC} – 31,7%; $LEPT^{CT}$– 50%; LEP^{TT}– 18,3% [Манцевич Е.А., Епишко О.А.,2019].

В локусе A80V холмогорской породы большинство коров имело генотип LEP^{AA}- 80,25 %, LEP^{AV}- 18,52%, LEP^{VV} – 1,23 % [Кожевникова И.С., и др., 2025]. Высокая частота генотипа LEP^{AA} выявлена во всех сравниваемых породах мясного скота – казахской белоголовой и калмыцкой – 75 - 78 %, тогда как на долю альтернативного генотипа LEP^{VV} приходится 13 % в герефордской и казахской белоголовая и 4,0 % в калмыцкой [Суржикова Е.С., и др., 2023].

Однако в других исследованиях в этих же породах выявлена другая частота генотипов: LEP^{AA} – 57-59 %, (герефордская и казахская белоголовая), калмыцкая – 88,0 %. Соответственно на долю альтернативного генотипа 10-12%, в калмыцкой лишь 1,0 % [Чижова Л.Н. и др. 2020].

При сравнительной оценке полиморфизма гена *LEP* герефордской и лимузинской пород показаны их различия: частота встречаемости генотипа LEP^{AA} была

47,34% и 52,25%; LEP^{AB} – 4,35% и 37,84%; LEP^{BB} – 12,28% и 9,91%, соответственно. У герефордских бычков частоты аллелей LEP^{A} и LEP^{B} составили 0,68 и 0,32; у лимузинских – 0,71 и 0,29 [Седых Т.А. и др.,2020].

Вовлечённость гена лептина в формирование молочной и мясной продуктивности, а также обмена веществ и воспроизводительных функций подтверждена рядом современных исследований, большинство которых свидетельствуют о приоритетности и более высокой экономической ценности генотипа LEP^{TT}, как по содержанию жира в молоке, так и по другим качественным показателям продуктивности животных. Так, у коров голштинской породы с этим генотипом установлено более высокое на 0,28 % содержание жира в молоке по сравнению с генотипом LEP^{CC}. Также у этих животных выявлено более низкое содержание соматических клеток в молоке на 220,2 тыс/см^3. Кроме того животные с генотипом LEP^{TT} быстрее набирали живую массу и в 18 месяцев превышение среднесуточного прироста над животными с генотипом LEP^{CC} составляло 88,9 г. [Гайнутдинова Э.Р. и др., 2024].

Исследования показывают неоднозначную связь между генотипами *LEP* и удоем. Например, по данным [Гайнутдинова Э.Р., и др., 2021 среди коров-первотёлок голштинской породы с полиморфизмом A80V наибольшие удои за лактацию наблюдались у животных с генотипом LEP^{CC}.

В других работах установлено, что первотёлки с генотипами LEP^{CC} и LEP^{CT} превосходили сверстниц с генотипом LEP^{TT} по удою, количеству молочного жира и белка Аналогичные данные получены при исследовании коров татарстанского типа. По первой лактации наибольшие показатели удоя, количества жира и белка в молоке отмечены у животных с генотипами LEP^{CC} и LEP^{CT}, в сравнении со сверстницами генотипа LEP^{TT}. Однако по массовой доле жира и белка в молоке тенденция была обратной [Ламара М., и др., 2023;

Зиннатов и др. 2022; Тюлькин С.В., и др. 2019].

Установлены приоритетные генотипы гена *LEP* по молочной продуктивности коров разных пород и другими авторами [Лиходеевская О.Е., и др.,2021; Чаицкая К.Д., и др.,2024, Ковалюк Н.В., и др. 2015, 2017; Сафина Н.Ю.,2018 Crenshaaw E.B. et.al. 1989].

Рядом авторов отмечено влияние полиморфизма гена лептина на мясные качества крупного рогатого скота. Например, М. П. Дубовскова и А. Н. Герасимов (2020) выявили, что герефорды с генотипом LEP^{AA} по локусу LEPA80V отличаются лучшей общей оценкой мясных форм, развитием мышц, груди, холки, спины и поясницы. Т.А. Седых с коллегами (2020) установили достоверную ассоциативную связь полиморфизма *LEP* с массой внутреннего жира-сырца и выходом жира в тушах у бычков герефордской породы.

Кроме того, исследования показали, что аллели гена *LEP* могут быть потенциальными маркерами продуктивного долголетия. Например, полиморфизм *LEP-A80V* влияет на риск выбраковки: животные с генотипом LEP^{VV} имеют более высокий риск выбраковки по сравнению с генотипом LEP^{AA} (в 1,83 раза). Коровы с генотипом LEP^{CC} по сайту *R25C* имеют больший риск в 3 раза выбраковки, по сравнению с гетерозиготными генотипами [Худякова Н.А., Кожевникова И. С.,2025]. Аналогичные исследования проведены А.Ф. Яковлевым с соавторами [Яковлев А.Ф. и др.,2014]. При изучении влияния генотипов гена *LEP* на продуктивное долголетие голштинской породы, было установлено, что аллели LEP^{V} и LEP^{F} нежелательные, тогда как LEP^{A} и LEP^{Y} варианты целесообразно использовать для повышения долголетия коров, особенно при скрещивании коров чёрно-пёстрой породы с голштинскими быками [Ковалюк Н.В. и др.,2017]. Связь генотипов с продолжительностью жизни установлено в исследованиях [Яковлев А.Ф., и др. 2014].

Кроме влияния генотипов лептина на продуктивное долголетие от данного гена зависит пищевое поведение и энергетический обмен. Положительные результаты получены при изучении связи аллелей гена *LEP* разных локусов с устойчивостью к кетозу. Дочери быков-производителей с генотипом LEP^{AARRYY} были более устойчивы к кетозу по сравнению с животными с генотипами LEP^{AARCYY} и LEP^{AVCCYY}, что может свидетельствовать о том, что генотип LEP^{AARRYY} у быков - производителей является одним из генетических факторов, защищающих их дочерей от развития кетоза [Ковалюк Н.В., и др.,2020].

1.2.4 Ген фактора некроза опухоли альфа (*TNF-α*)

Поскольку в реализации воспроизводительных функций большую роль играет иммунная система, ген фактора некроза опухоли альфа (*TNF-α*), участвует в синтезе многофункционального белка из класса цитокинов, и относится к числу перспективных генов, контролирующих репродуктивный потенциал молочного скота, участвует в морфогенезе и развитии плода, а также в формировании молочной железы [Chtng Y. et.al.2016 Mikolaychik I.N., et.al. 2021, Ntambi J.M. 2002].

В масштабном исследовании Калашниковой Л.А. и др. (2023,2024) были выявлены значимые межпородные различия по частотам аллелей и генотипов гена *TNF*. Например, генотип TNF^{BB} (аналог G/G в другой нотации) был наиболее частым в браун-швицкой породе (96%), а в холмогорской, симментальской, айрширской и костромской его частота составляла 53%, 62%, 77% и 87,5% соответственно.

В исследованиях на красной степной породе полиморфизм *A/G* в промоторе гена *TNF-α* были выявлены частоты генотипов: $TNF\text{-}\alpha^{GG}$ – 54%, $TNF\text{-}\alpha^{GA}$ –42%, $TNF\text{-}\alpha^{AA}$ – 4% [Крыцына Т. И., и др., 2015]. По сообщениям других авторов в красной степной породе частота генотипов была следующая: $TNF\text{-}\alpha^{AA}$ – 0,26, $TNF\text{-}\alpha^{GA}$ – 0,46, $TNF\text{-}\alpha^{GG}$– 0,28 [Люханов М.П., и др., 2014]. В голштинской породе (Казахстан) распределение было несколько иным: $TNF\text{-}\alpha^{AA}$ – 22,4%, $TNF\text{-}\alpha^{GA}$ – 63,8%, $TNF\text{-}\alpha^{GG}$ – 13,8%.

В разных популяциях скота были выявлены различные ассоциации этого полиморфизма с показателями продуктивности. Исследования полиморфизма гена *TNF-α* показали его потенциальную связь с продуктивностью и репродуктивными качествами животных [Люханов М., Короткевич О. и др.,2014, Сафина Н.Ю., и др. 2022]. В исследовании черно-пёстрого скота Западной Сибири установлено, что животные с генотипом $TNF\text{-}\alpha^{AA}$ превосходили по величине удоя за 305 дней лактации особей с генотипом $TNF\text{-}\alpha^{GG}$ на 10,8%. Авторы рекомендовали при отборе тёлок черно-пёстрой породы отдавать предпочтение гомозиготным особям $TNF\text{-}\alpha^{AA}$, учитывая генетические особенности конкретной популяции.

В стаде красной степной породы Алтайского края наблюдалась обратная тенденция: гомозиготные *TNF-α* ^{GG} коровы имели более высокие удой и скорость выведения молока по сравнению с животными других генотипов. При этом по живой массе, содержанию жира и белка различий между группами не выявлено [Кочнев Н.Н., и др.,2014].

Важно отметить, что ассоциации полиморфизма гена *TNF-α* с продуктивностью могут варьироваться в зависимости условий содержания, уровня продуктивности животных и других факторов. Результаты, полученные в одной популяции, не всегда применимы к другим [Люханов М., Короткевич О., и др.,2014].

Таким образом, ген *TNF-α* рассматривается как потенциальный маркер-кандидат, связанный с продуктивными и репродуктивными характеристиками крупного рогатого скота, но его влияние требует дальнейшего изучения с учётом специфики популяций и условий разведения.

1.2.5 Стеарил-КоА десатураза (*SCD1*)

Стеарил-КоА десатураза – представляет собой эндоплазматический ретикулярный фермент, ответственный за десатурацию жирных кислот в молочной железе, жировой и других тканях, путем введения двойной связи в положении дельта-9 в ацил-коэнзм А субстратах [Paton C.M., 2008]. Состав жирных кислот, хранящихся в жировых запасах, отражает действие стеарил-коэнзим А десатуразы на такие субстраты, как стеариновая и пальмитиновая кислоты [Романова В. В. и др., 2012]. Функциональная роль экспрессии *SCD* превращение пальмитиновой насыщенной жирной кислоты в олеиновую мононенасыщенную жирную кислоту.

Этот процесс необходим для физиологического метаболизма липидов и жирных кислот, формирования субстратов для наработки клетками энергии, образования олеиновых триглицеридов и физиологической мобилизации синтеза АТФ. Это происходит независимо от того, что физиологическая, разнообразная растительная

пища млекопитающих содержит достаточное количество олеиновой кислоты. Существует корреляция величины индекса десатурации, которая является отношением кислот насыщенных и моно и полиненасыщенных жирных кислот [Ильина А.В. и др.,2014].

Липиды, включающие триглицериды, холестерин и фосфолипиды, а также их производные, обеспечивают организм энергией и играют значительную роль в функционировании эндокринной системы и некоторых внутриклеточных сигнальных путей.

Ген *SCD1* локализован на 26 хромосоме [Schennik A. 2009], где также были идентифицированы некоторые QTL, отвечающие за фертильность, содержание жира, удой и другие количественные признаки [Рачкова Е.Н. 2016, Сычёва О.В. 2018]. Он Ген *SCD1* локализован состоит из 6 экзонов и 5 интронов, имеет 1080 нуклеотидов, кодирующих 359 аминокислот. Нуклеотидные замены в кодирующем белке, идентифицированные в области 878 в 5 экзоне, вызывают замещение аминокислотного валина на аланин (V→A) в пептиде *SCD* [Bernard L. et.al., 2001].

Молочные жирные кислоты оказывают существенное влияние на здоровье человека, а также на производственно-технические признаки продукции при производстве масла и сыра. Так, например, ненасыщенные жирные кислоты (C18:2) повышают способность масла к намазыванию, улучшают способность молока сбиваться в масло и снижают уровень холестерина. [Sampath H. et.al. 2009].

Кроме того, было показано, что ген SCD1 участвует в некоторых аспектах энергетического гомеостаза, таких как липогенез, окисление липидов и термогенез [Леонова М.А., 2014].

Возраст, вид и порода животного влияют на экспрессию и активность гена *SCD1*, который специфически влияет на концентрацию мононенасыщенных жирных кислот [Лейбова В.Б., Позовникова 2020, 2021].

Высокая экспрессия гена (высокий уровень содержания олеатов) способствует накоплению жира, что приводит к ожирению, в то время как снижение уровня *SCD1* (низкий уровень олеатов) способствует сжиганию жира и худобе. Он экспрессируется в клетках печени, особенно в гепатоцитах, и адипоцитах (клетках

жировой ткани), и является ключевым ферментом в клеточном биосинтезе мононенасыщенных жирных кислот из ненасыщенных жирных кислот в адипоцитах млекопитающих. Регуляция *SCD1* очень разнообразна, и ее экспрессия может влиять на ряд ключевых физиологических переменных, включая чувствительность к инсулину, скорость метаболизма, ожирение, атеросклероз и рак [Зиннатов Ф.Ф. и др.,2022].

Распределение аллелей и генотипов *SCD1* варьируется в зависимости от породы и направления продуктивности. Например, в популяциях мясного направления чаще встречается генотип $SCD1^{CC}$ (герефордская порода в Швеции), а в комбинированном направлении – более высокая частота аллеля $SCD1^{T}$ и генотипа $SCD1^{TT.}$ В симментальской породе, напротив, более высокая частота гетерозиготного генотипа $SCD1^{CT}$- 61,1%, тогда как частота $SCD1^{CC}$ – 13,9%; и $SCD1^{TT.}$ – 25,0 % [Ardicli S., 2023]. В голштинской породе соотношение частоты генотипов представлены как: $CD1^{TT}$ – 21%, $SCD1^{CT}$– 50 %, $SCD1^{CC}$ – 29 %; аллели $CD1^{T}$ и $CD1^{C}$ - примерно по 46% и 54% соответственно [Bayraktar, M., & Özcan, B. D., 2023].

Установлено влияние некоторых генотипов с молочной продуктивностью коров. В исследованиях учёных из Италии коровы голштинской породы с генотипом $SCD1^{TT}$ имели более высокий удой и выход молочного белка по сравнению с животными с генотипом $SCD1^{CC}$ [Macciotta, N. P., 2008]. Выявлена ассоциация полиморфизма с общим удоем за 305 дней: у гетерозигот ($SCD1^{CT}$) средний удой был выше, чем у гомозигот ($CD1^{TT}$ и $SCD1^{CC}$) [Bayraktar, M., & Özcan, B. D., 2023].

В ряде исследований установлена взаимосвязь *SCD1* с содержанием-жирных кислот в молоке у коров голштинской и симментальской пород. Например, в исследовании чёрно-пёстрой голштинизированной породы животные с генотипами $SCD1^{CT}$ и $SCD1^{CC}$ превосходили особей с генотипом $CD1^{TT}$ по содержанию жирных кислот, за исключением транс-изомеров [Зарипов О.Г., и др., 2023]

Качественный состав молока (соотношение насыщенных и ненасыщенных жирных кислот) определяет его диетические свойства и технологическую ценность. Поэтому полиморфизм *SCD1* может рассматриваться как потенциальный маркер при прогнозировании качественного состава молока.

В некоторых исследованиях выявлена связь полиморфизма SCD1 с живой массой и энергией роста. Так, в калмыцкой породе полиморфизм T878C связан с живой массой бычков, гетерозиготы $SCD1^{CT}$ имели более высокие показатели по сравнению с гомозиготами $CD1^{TT}$ и $SCD1^{CC}$ (разница до 17%). По данным Н. Ю. Сафиной и соавторов (2018) коровы-носительницы генотипа $CD1^{TT}$ имели более высокую живую массу и энергию роста по сравнению с животными других генотипов.

Сообщалось о негативном влиянии *SNP* T878C *SCD1* на репродуктивные показатели голштинских коров, что могло снижать рентабельность молочных стад. Однако в исследовании айрширской породы такой связи не было выявлено, что авторы объясняли породными особенностями и влиянием среды (качество кормления и условия содержания) [Позовникова М.В., Сердюк, Г.Н.].

Поскольку ген *SCD1* участвует в биохимических процессах липидного обмена, его полиморфизм может существенно влиять на продуктивные качества животных как молочного, так и мясного направления, поэтому предлагается рассматривать определённые *SNP* гена *SCD1* как потенциальные маркеры для прогнозирования жирнокислотного состава и других продуктивных признаков. Однако для широкого применения в селекции требуются более масштабные исследования на различных породах, включая отечественные локальные.

Таким образом, ген *SCD1* оказывает значимое влияние на продуктивные качества крупного рогатого скота, но его эффект сложно однозначно определить из-за множества влияющих факторов, таких как порода, условия содержания и взаимодействие с другими генами.

1.2.6 *PIT1*

Ген *PIT1* (Pituitary-specific transcription factor 1), также известный как *POU1F1*, играет фундаментальную роль в развитии и функциональной дифференцировке передней доли гипофиза. Этот транскрипционный фактор необходим для

экспрессии генов, кодирующих гормон роста (*GH*) и пролактин (*PRL*) и другие гормоны, которые связаны с регуляцией молочной продуктивности у крупного рогатого скота [Parmentier I. ,1999].

Экспрессия этого гена оказывает влияние на все остальные и один полиморфизм может активизировать действие другого. У млекопитающих существует три варианта гена *PIT-1*. Основной вариант, *PIT-1альфа*, и два других - *PIT-1бета, PIT-1T,* дают биологически активные продукты, которые воздействуют на промоторные области целевых генов [Parmentier I. et.al. 1999].

Гена *PIT-1* идентифицирован в шестом экзоне в первой хромосоме, определяется с помощью рестриктазы HinfI [Dierkes B. ,1999; Zhao, Q., 2004].

Ген *PIT1* имеет достаточное разнообразное соотношение генотипов и аллелей животных, обусловленное селекцией и породными особенностями. Частоты генотипов этого гена в молочных породах имеют некоторую вариативность. По данным [Гайнутдинова Э. Р., и др., 2019 (а,б)] в голштинской породе Татарстана наиболее высокая частота у коров была генотипа $PIT\text{-}1^{BB}$ – 47,7 %, несколько ниже – $PIT\text{-}1^{AB}$ – 40,5 %, на долю гомозиготного генотипа приходилось 11,7 %.

Близкое к этому соотношению было у коров этой породы Ирана. $PIT\text{-}1^{AA}$ – 14,2 %, $PIT\text{-}1^{AB}$ – 35,8 % и $PIT\text{-}1^{BB}$ – 50,0 % [Sadeghi, M. 2022]. Несколько иное соотношение генотипов в голштинской породе Ирана было показано в исследованиях $PIT\text{-}1^{AA}$, $PIT\text{-}1^{AB}$, $PIT\text{-}1^{BB}$ – 4%, 31%, 65% соответственно [Ahmadi M.M.,2015].

Аналогичные данные были представлены по исследованию голштинской породы Индонезии: $PIT\text{-}1^{AA}$, $PIT\text{-}1^{AB}$, $PIT\text{-}1^{BB}$ – 10, 30, 60% соответственно [Prastowo, S.,2022]. Также более низкая частота генотипа $PIT\text{-}1^{AA}$ выявлена у коров чёрно-пёстрой породы Ленинградской области – 7,5%, тогда как более половины животных – 57,1 % имели гетерозиготный генотип $PIT\text{-}1^{AB}$, соответственно частота генотипа $PIT\text{-}1^{BB}$ находилась на уровне – 36,8 %. [Позовникова М.В., Сердюк Г.Н., и др., 2017]

Следует отметить, что в исследованиях Чижовой Л.Н. и др. (2020) напротив коровы голштинской породы характеризовались более высокой частотой генотипа $PIT\text{-}1^{AA}$ – 0,21, тем не менее генотип $PIT\text{-}1^{BB}$ – занимал ведущее положение – 0,56,

соответственно частота *PIT-1^{AB}* находилась в пределах 0,20 [Чижова Л.Н., и др., 2020].

В красной степной породе частота генотипа *PIT-1^{AA}* также находилась на более низком уровне – 18,75%, в сравнении с альтернативными генотипами, однако различия между гетерозиготным генотипом и гомозиготным по аллелю *B* были менее выражены, *PIT-1^{AB}* - 37,5%, *PIT-1^{BB}* - 43,75% соответственно [Гетманцева Л. В., и др., 2014]. В красной степной породе Казахстана гомозиготный генотип *PIT-1^{AB}* выявлен у 9,2 % животных, на долю *PIT-1^{AB}*, *PIT-1^{BB}* приходится 43,3% и 47,5% соответственно [Джаксыбаева Г.Г., Кочнев Н.Н., 2025].

Ген *PIT-1,* как показали исследования отечественных и зарубежных авторов, может служить хорошим генетическим маркёром молочной продуктивности, хотя данные не лишены противоречивости, возможно, связанные с породной специфичностью. Так в исследованиях голштинофризского и чёрно-пёстрого скота установлено, что наиболее высоким удоем отличаются коровы с аллелем *PIT1^{A}* [Khaizakan Z. A.,2014; Zwierzchowski, L.,2002; Дроздов, Е. В.,2011; Михайлова, М. Е.,2008,2018]. Аналогичная зависимость выявлена и в джерзейской породе скота. Коровы с генотипом *PIT1^{AA}* имели более высокий удой (6903) и выход молочного жира, тогда как генотип *PIT1^{AB}* связан с максимальным содержанием белка (4,09) [Зарубежнова Д.В., и др., 2025].

В то же время, в ряде исследований установлена другая зависимость. В голштинской породе крупного рогатого скота коровы с генотипом *PIT1^{AB}* отличались более высоким удоем и содержанием жира в молоке, в сравнении с альтернативными генотипами [Ebrahimi Hoseinzadeh Z.,2009; Edriss M. A.,2009; Бейшова И. С. и др., 2017]. Определены приоритетные генотипы гена *PIT1* по удою в голштинской породе [Heidari M., 2012, Renaville R. et.al. 1997].

Работы российских ученых на чёрно-пёстром скоте часто акцентируют внимание на ассоциациях SNP в 1-м экзоне *PIT1* с удоями и белокмолочностью. Выявлены аллели, способствующие повышению этих показателей, что позволяет использовать данный маркер в программах геномной селекции для улучшения пле-

менной ценности животных [Чижова Л. Н. и др. 2020]. Изучалось влияние полиморфизма *PIT1* на показатели мясной продуктивности у некоторых пород, хотя основной акцент остается на молочной продуктивности [Худякова Н. А. и др., 2020].

В кавказской бурой породе установлено, что животные с генотипом $PIT\text{-}1^{AA}$ имели более высокий удой – 6800 кг, превосходство в сравнении с альтернативными генотипами составляет 200-300 кг. Однако более высокая доля белка была определена у коров с гетерозиготным генотипом $PIT\text{-}1^{AB}$ (3,4%) [Оздемиров А.А., и др., 2020, 2025].

Дальнейшие исследования, направленные на более глубокое изучение функциональных аспектов полиморфизма *PIT1* и его взаимодействие с другими генами, а также на проведение широкомасштабных ассоциативных исследований в разнообразных популяциях крупного рогатого скота.

1.2.7 *OLR1*

С увеличением продуктивности животных усиливается обмен веществ, что приводит к нарушениям энергетического, белкового, минерального и витаминного обменов. Исследованиями на чёрно-пёстрой породе установлена взаимосвязь между изменением биохимических показателей крови глубокостельных коров и иммунобиохимическим профилем крови новорождённых телят [Иванюк В.П. 2020]. При этом показано, что естественная резистентность значительно варьировались у коров-дочерей разных быков. Учитывая, что животные имеют разную реактивность на условия среды, зависящую от наследственных особенностей, предпринимаются исследования по поиску связей генотипов и биохимических показателей их крови. В качестве таких генов рассматривается ген *OLR1*. Ген рецептора окисленного липопротеина низкой плотности (лектиноподобного) (OLR1) играет важную роль в деградации окисленного липопротеина низкой плотности, который вызывает повреждение эндотелия артерий. Активность микроРНК bta-mir-370 связана с дифференциальной аллельной регуляцией экспрессии *OLR1*. Эти результаты позволяют предположить, что однонуклео-

тидный полиморфизм 3'-нетранслируемой области гена *OLR1* является перспективным маркером для селекции в программах разведения крупного рогатого скота. [X. Wang, et.al., 2013].

Ген, контролирующий синтез *OLR1* у крупного рогатого скота, находится на хромосоме 5 *(BTA5)* с длиной последовательности 11373 пар оснований, состоящей из 5 экзонов и 4 интронов [Sawamura, T. Kume, N., Aoyama T., [et al.] 1997].

Связь генотипов гена *OLR1* с продуктивностью показана в исследованиях [Ламара М., и др. 2024.]. Первотёлки татарстанского типа холмогорской породы с генотипом $OLR1^{AC}$ имели удой по сравнению с гомозиготными генотипами $OLR1^{AA}$ и $OLR1^{CC}$ выше на 574 кг и 464 кг. Кроме того, гетерозиготные животные превосходили гомозиготных по аллелю $OLR1^{AA}$ по содержанию массовой доли белка на 0,06 %.

При изучении влияния генотипов гена *OLR1* на качественный состав молока голштино-фризской породы установлено, что коровы с генотипом $OLR1^{CC}$ имеют на 4,87 % более высокое содержание жира в молоке по сравнению с генотипом $OLR1^{AA}$; генотипом $OLR1^{AC}$ — на 1,38 % [Anggraeni, A., 2019]. Определена частота четырёх гаплотипов ЛПНП *OLR1* у итальянских коричневых швейцарцев и показано, что некоторые гаплотипы были связаны с процентным содержанием жира в молоке. [Khatib, H., et.al., 2007]

В исследовании [Khatib H. et.al.,2006] указана следующая частота аллелей полиморфизма a8232C: A – 0,30, C – 0,70. Статистический анализ показал, что коровы с генотипом $OLR1^{AC}$ характеризовались более высокими надоями, содержанием белка и жира, при этом с содержанием жира разница была подтверждена статистически. Коровы с генотипом $OLR1^{AA}$ отличались более поздним первым отелом и более длительным сервис- периодом, но эти результаты не были подтверждены статистически.

Выявлена значимая связь полиморфизма *OLR1* с молочными характеристиками: процентным содержанием белка и соматической численностью клеток в голштинской породе в Израиле, что позволило авторам рассматривать этот ген в качестве гена-кандидата для дальнейших функциональных исследований [X. Wang,

et.al., 2012]. Кроме того, при изучении генотипических особенностей 453 польских голштино-фризских быков установлено влияние генотипов гена *OLR1* на расчетные племенные показатели по молочной продуктивности, продолжительности жизни, количеству соматических клеток и репродуктивным признакам [Komisarek, J. Z. Dorynek Z., 2009].

Связь генотипов гена *OLR1* с продуктивностью матерей 58 быков-производителей чёрно-пёстрой породы установлена в исследованиях [Ламара М., и др. 2023]. Наибольшие показатели по удою имели матери быков с генотипом $OLR1^{AA}$ - 9514 кг, а по массовой доле жира в молоке с $OLR1^{AC}$ - 3,91%, превосходство матерей быков с другими генотипами составляет 353 кг и 1337 кг и на 0,06-0,08%, соответственно.

1.3 Применение STR- локусов в молочном скотоводстве

В настоящее время неотъемлемой частью селекционно-племенной работы является контроль достоверности происхождения молодняка, основанного на идентификации животных посредством использования панели микросателлитных локусов, соответствующих международному стандарту ISAG/ICAR, принятом Решением Коллегии Евразийской экономической комиссии от 2 июня 2020 г. N 74 [www.alta.ru]. Как показывают исследования ошибочность записей только по отцу составляет в чёрно-пёстрой породе до 3 %, голштинской – до 11 %, в абердин-ангусской – до 10 %, герефордской до 25 % [Кабицкая Я.А., 2020].

Наряду с решением проблемы происхождения молодняка сельскохозяйственных животных, микросателлиты, благодаря широкому полиморфизму и менделевскому типу наследования, являются наиболее простым и доступным методом для масштабного генотипирования и последующего анализа происходящих процессов в популяциях [Jarne P., Lagoda P.J.L.1996 ; Li Y.-C., et.al. 2004]. В природных, диких популяциях генетическая дифференциация животных зависит от естественного отбора, миграции, дрейфа генов, эколого-географической разобщённости, тогда как

у сельскохозяйственных животных она определяется разнообразием пород их численностью, интенсивностью отбора, обмена генетическим материалом, системой разведения. Сведения о структуре (дифференциации) популяций, пород позволяет объективно оценить уровень их генетического разнообразия, различия между стадами, линиями, установить взаимоотношения между ними, разработать стратегию сохранения редких исчезающих пород, что необходимо в селекционной работе с сельскохозяйственными животными [Guichoux E., 2011; Städele V., Zsolnai A., et.al. 2014; Agung P.P., et.al 2016; Szucs M., et.al. 2019; Bowcock A., Ruiz-Linares A., Tomfohrde J. et al, 2007, Sall L. et.al. 2012].

Микросателлитный анализ является унифицированным методом для всех лабораторий. В связи с чем, полученную базу данных по породе можно использовать в качестве сравнения с другими породами, стадами, линиями, а также при длительном мониторинге изменчивости селекционно-генетических параметров. Несмотря на более информативный метод полногеномного анализа SNP всё чаще применяемый в настоящее время, при подтверждении происхождения молодняка, изучении уровня геномного инбридинга и гомозиготности, а также популяционно-генетической характеристики с использованием SNP и STR-локусов, получены довольно схожие результаты. [Недашковский И.С. и др., 2021, 2025]. Сравнительная оценка генетической структуры исторических и современных популяций позволила установить, что уровень генетического разнообразия в исторических популяциях был выше, чем у одноимённых современных пород и анализ филогенетического древа показал их относительную близость, тогда как современные популяции были более отдалённые [Абдельманова А.С. и др. 2023, 2025]. В современной литературе накопилось достаточно много данных по характеристике разных пород с использованием STR маркёров [Шевелёва О.М., Часовщикова М.А., 2018; Филиппова Н.П., и др., 2018; Гладырь Е.А. и др., 2011; 2012; Шаталина О.С. и др., 2021; Нореззин А. 2018, Xu L., et.al. 2017, Yao Y. et.al. 2018].

Используя STR маркёры, Матюков В.С., Жириков Я.А., Николаев С.В. (2025) провели микросателлитный анализ быков-производителей холмогорской,

голштинской, печорского типа холмогорской породы и разных кроссов с холмогорской породой и установили наиболее высокую генетическую дифференциацию между печоро-холмогорскими быками и быками голштинской породы. При этом авторы отметили, что число эффективных аллелей на локус, гетерозиготность и индекс фиксации в сравниваемых группах быков не имеют значимых различимых. Аналогичные результаты были получены при сравнительной оценке генетической структуры голштинизированных и чистопородных голштинских быков [Николаев С.В., Ялуга В.Л. 2023].

Особый интерес при изучении генетического разнообразия имеют малочисленные породы, такая как якутская. Её генетическая характеристика по 15 микросателлитным локусам позволила авторам установить специфичность аллелофонда, выявить наиболее широко распространённые аллели и более редкие с частотой 0,002 и 0,004. В локусе TGLA53 выявлено 10 аллелей, в локусах BM1818, INRA023 – 3 аллеля. Показано, что аллель 256 локуса SPS115 встречается с частотой 0,733. Значение наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности находились по стадам в пределах 0,116-0,919 и 0,110-0,756. Всего выявлено 90 аллелей [Владимиров Л.Н., Мачахтырова В.А., и др. 2024]. В исследованиях Слепцова И.И. и др., 2019 в этой породе выявлено значительно меньше аллелей – 68. Наблюдаемая гетерозиготность варьировала в зависимости от локусов от 0,333 до 0,767. По данным Гладырь Е.А. и соавторов (2011) якутская порода по своему аллелофонду ближе к холмогорской породе, и более отдалённая от монгольской.

Малочисленная тагильская порода (одно генофондное стадо), в формировании которой, как установлено авторами, с использованием SNP и STR маркёров, принимали участие холмогорская и чёрно-пёстрая порода, однако наиболее весомый вклад был внесён голштинской породой [Столповский Ю.А. и др., 2021].

При изучении симментальского скота разной кровности по голштинам были установлены особенности аллелофонда по 16 микросателлитным локусам. Авторы отмечают, что группа животных с кровностью 25-50 % кровности по голштинам имела больше число аллелей на локус (5,33) и эффективное число аллелей (3,46).

Напротив, животные с высокой кровностью отличались более высоким числом информативных аллелей – 4,89 [Денискова Т.Е. и др., 2019

Наиболее изученная генотипическая структура голштинской и чёрно-пёстрой пород. В исследованиях голштинской породы Северного Зауралья установлено среднее число на локус – 8,8, эффективных аллелей 4,5, средний уровень наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности – 0,700, индекс фиксации Райта – 0,019. [Шукюрова Е.Б., и др. 2020]. Несколько иные результаты получены М.В. Часовщиковой (2021) при исследовании полиморфизма микросателлитов в чёрно-пёстрой породе Тюменской области: среднее число аллелей на локус – 7,7; информативных аллелей – 4,7; уровень фактической и ожидаемой гетерозиготности составлял 0,757 и 0,738, индекс фиксации – 0,031. Аналогичные данные получены в Тюменской области при исследовании голштинской породы: Среднее число аллей на локус 7,2; уровень фактической и ожидаемой гетерозиготности составлял 0,755 и 0,706, число информативных аллелей – 4.6 [Часовщикова М.А., 2019. 2021].

В Уральском регионе на значительной выборке (15786) голштинизированного чёрно-пёстрого скота в сравнительной оценке за период с 2008 по 2019 установлено, что произошло постепенное снижение параметров генетического разнообразия (Ar_{15}) с 90,7 до 84,2; генетическая дифференциация (F_{ST}) с 0,029 до 0,006 [Модоров М.В. и др., 2021].

Генетическое разнообразие чёрно-пёстрой породы Белоруссии изучено в сравнительной оценке 9 стад с использованием 11 локусов микросателлитов. Во всех анализируемых популяциях наблюдается избыток гетерозигот и хорошее генетическое разнообразие [Глинская Н.А., 2013]. В других исследованиях этой породы установлен уровень полиморфности – 6,336, *He* – 0,797, *Ho* – 0,882; *Fis* – (-0,136); *PIC* -0,742 [Танана Л.А, Глинская Н.А, Епишко О.А., 2014].

Рассмотрена генетическая структура чёрно-пёстрой и голштинской пород Западной Сибири с использованием 12 локусов микросателлитов. Установлены параметры популяционно-генетической характеристики: среднее число эффективных аллелей – 4,5; уровень наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности – 0,6; индекс фиксации (-0,02) [Петров А.Ф., Камалдинов Е.В., 2024]. При исследовании этого же молочного скота Айтназаров Р.Б., Мишакова Т.М., Юдин Н.С. (2021) пришли к

выводу, что параметры шести исследованных популяций не отличаются от других российских популяций.

При скрещивании чёрно-пёстрой породы с абердин-ангусской установлено снижение количества аллелей у помесного скота на 37 % и отсутствие аллелей, выявляемых с низкой частотой у чёрно-пёстрого. Кроме того, изменилась степень гетерозиготности по отдельным локусам [Аржанкова Ю.В. и др., 2015].

Показано, что микросателлиты могут находиться как в кодирующих, так и в некодирующих регионах ДНК, а также в регуляторных последовательностях [López-Flores I., Garrido-Ramos M.A. 2012]. В связи с этим интерес представляют исследования по связи микросателлитных локусов с продуктивностью крупного рогатого скота. В исследованиях Фенченко Н.Г и др. (2017) Яковлев А.Ф., и др. (2014), Reinsch N. et.al. 2006) выявлена некоторая связь между частотой встречаемости определённых аллельных вариантов микросателлитных локусов быков-производителей чёрно-пёстрой и симментальской пород с молочной продуктивностью. Имеется несколько гипотез, включая близкое расположение локусов, плейотропный эффект и эпистаз QTL [Смарагдов М.Г., 2005].

Выявление связи аллелей микросателлитных локусов с продуктивностью чёрно-пёстрой породы Башкортостана, авторами было предпринято формирование двух групп животных с высокой и низкой продуктивностью. Установлено значительное различие по частоте некоторых аллелей. Расчётами коэффициентов корреляции показана связь аллелей 178 локуса BM 1784 и 182 локуса BM 1784 с уровнем молочной продуктивности [Траспов А.А., Долматова И.Ю., Зиновьева Н.А., 2012].

Определённые надежды в последнее время возлагаются на выявление генетического сходства родителей на продуктивность потомков по аналогии с группами крови. В исследовании Шаталиной О.С. (2020) установлено, что удой коров возрастает с увеличением индекса генетического сходства родителей. Различие в продуктивности потомков с индексом меньше 0,2, и более 0,4 составляет 807 кг.

Заключение. Таким образом, анализ отечественной и зарубежной литературы показал большой интерес учёных к проблеме генетического исследования пород, их генетического разнообразия, изменчивости генома, поиску генов-маркёров, связанных с селекционно-значимыми признаками, однако при этом остаётся ряд

вопросов, требующих уточнения, в связи с противоречивыми результатами, получения новых экспериментальных данных, расширяющих базу знаний по генетическим особенностям каждой породы, включая малочисленные, что и явилось целью настоящих диссертационных исследований.

2 МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЙ

2.1 Место проведения, объект и предмет исследования

Исследования проведены на базе лаборатории биотехнологий СибНИПТИЖ СФНЦА РАН с 2022 по 2026 год. Объектом исследования служили коровы симментальской и красной степной породы из племенных хозяйств Новосибирской области, Алтайского края и республики Алтай.

Схема опыта представлена на рисунке 1.

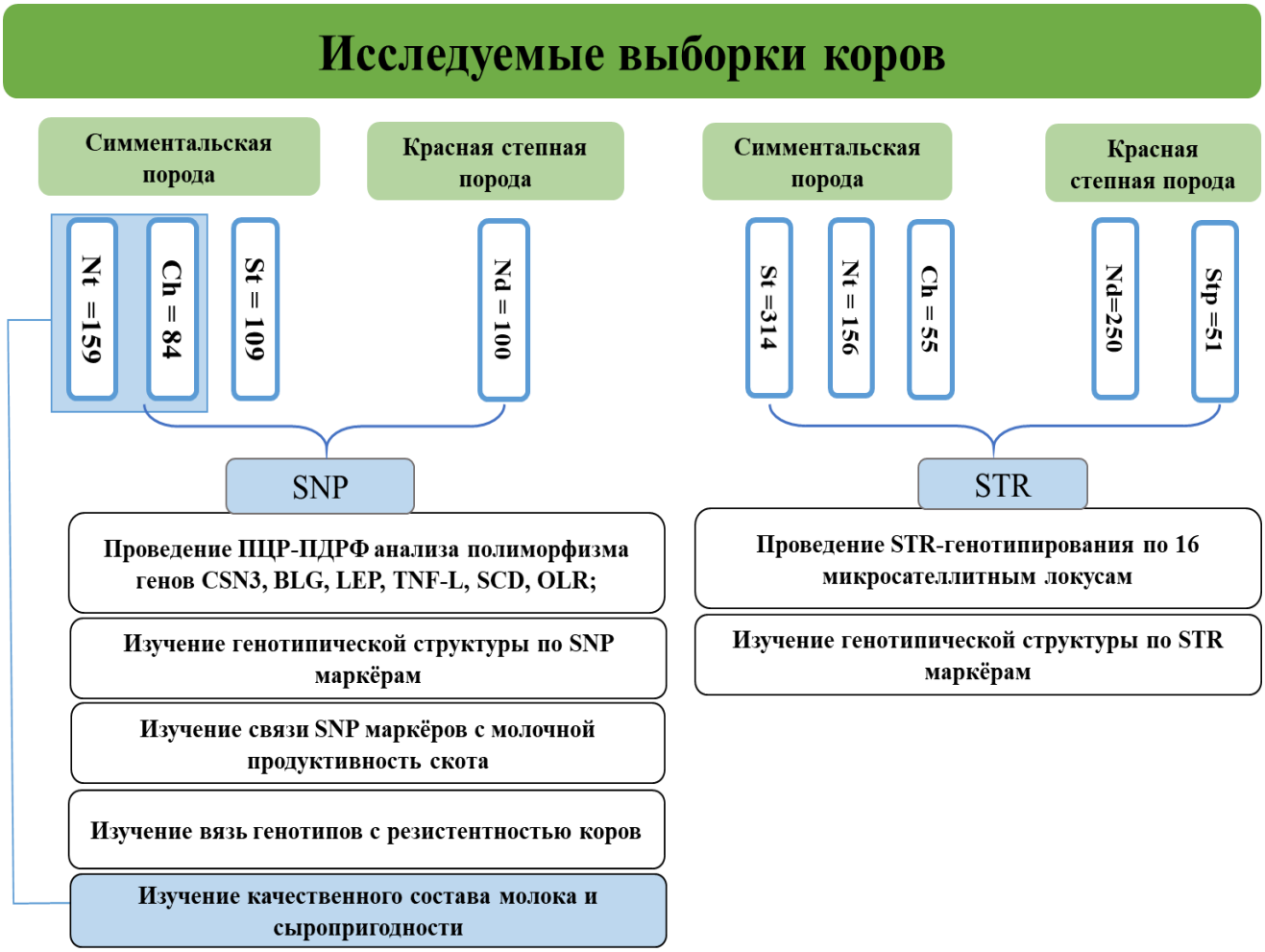


Рисунок 1 – Схема опыта

2.2 Методика выделения ДНК

Материалом для проведения исследований служит цельная кровь крупного рогатого скота, консервированная ЭДТА КЗ, из которой выделили геномную ДНК по методике, разработанной в лаборатории «Медиген» (г. Новосибирск) с использованием лизиса ткани гуанидинизотиоцианатом с последующей сорбцией ДНК на стеклянном носителе и с использованием набора экстракции из клинического материала.

В пронумерованные пробирки с биоматериалом (100-200 мкл) вносится лизирующий раствор и сорбент. Следующим этапом происходит отмывка сорбента от компонентов лизирующего раствора. Образец высушивается и в него вносится элюирующий буфер. Материал готов для дальнейшего ПЦР анализа.

2.3 Тестирование крупного рогатого скота по гену каппа-казеина (*CSN3*) способом ПЦР-ПДРФ

Полиморфизм гена каппа-казеина определяли по методике ПЦР-ПДРФ разработанной во Всероссийском НИИ племенного дела [Калашникова Л.А., и др.,2015]. Для проведения ПЦР реакции в конечном объеме 25 мкл использовали 1× ПЦР буфер (16,6 мМ (NH4)2SO4; 67,7 мМ Трис – HCl, pH = 8,8; 0,1 (v/v) Tween 20), 1,5 мМ MgCl2, 200 мкМ диоксинуклеозидтрифосфатов, 30 пмоль каждого из праймеров и 1 Ед Taq-полимеразы. Амплификацию проводили стандартным методом ПЦР анализа на ДНК-амплификаторе C 1000 Touch Thermal Cycler «BioRad» (Singapore), с двумя олигонуклеотидными праймерами:

F: 5' – ATA GCC AAA TAT ATC CCA ATT CAG T – 3'

R: 5' – TTT ATT AAT AAG TCC ATG AAT CTT G – 3'

После начальной денатурации (95ºС, 5 мин) выполняли 35 циклов амплификации в следующем температурно-временном режиме: денатурация – 1 минута при

94ºС, отжиг – 1 минута при 57ºС, синтез – 1 минута при 72ºС. Хранение при 10 °С. Амплифицировался цельный фрагмент длиной 530 п.н.. Для проведения ПДРФ-анализа *CSN3*-гена 20 мкл ПЦР пробы обрабатывали 10 ед. эндонуклеазы рестрикции Hind III в 1×буфере «О» фирмы СибЭнзим (Россия) при 37°С в течение ночи.

Для визуализации ПЦР-ПДРФ-фрагментов образцы ДНК вносили в лунки геля, содержащего 2,0% агарозы с высоким разрешением, 0,5 мкг/мл этидия бромида и выполняли электрофорез горизонтальный при напряжении 15В/см в 1×ТВЕ буфере, продолжительностью 40 мин. Далее электрофорезный гель визуализировали и идентифицировали генотипы *CSN3* по количеству и размеру фрагментов под ультрафиолетовым светом при помощи гельдокументирующей системы E-Box-CX5.TS-20.M.

Результат электрофореза рестрикционных фрагментов продуктов амплификации фрагмента гена *CSN3* представлен на рисунке 2.

Наличие нерестрицированного фрагмента длиной 530 bp соответствует генотипу $CSN3^{AA}$, двух фрагментов длиной 400 и 130 п.н. – генотипу $CSN3^{BB}$, в то время как наличие трех фрагментов длиной 530, 400 и 130 п.н. соответствует генотипу $CSN3^{AB}$.

2.4 Тестирование крупного рогатого скота по гену бета-лактоглобулина (*BLG*) способом ПЦР-ПДРФ

Полиморфизм *BLG* гена определяли по методике ПЦР-ПДРФ разработанной во Всероссийском НИИ племенного дела [Калашникова Л.А., и др.,2015].Для проведения ПЦР реакции в конечном объеме 25 мкл использовали 1× ПЦР буфер (16,6 мМ (NH4)2SO4; 67,7 мМ Трис – HCl, pH = 8,8; 0,1 (v/v) Tween 20), 1,5 мМ MgCl2, 200 мкМ диоксинуклеозидтрифосфатов, 30 пмоль каждого из праймеров и 1 Ед Taq-полимеразы. Амплификацию проводили стандартным методом ПЦР анализа на ДНК-амплификаторе С 1000 Touch Thermal Cycler «BioRad» (Singapore) в объеме 25 мкл, с двумя олигонуклеотидными праймерами:

BLG P3: 5' – GTC CTT GTG CTG GAC ACC GAC TAC A – 3'
BLG P4: 5' – CAG GAC ACC GGC TCC CGG TAT ATG A – 3'

После начальной денатурации (95ºС, 5 мин) выполняли 35 циклов амплификации в следующем температурно-временном режиме: денатурация – 60 секунд при 94ºС, отжиг – 60 секунд при 60ºС, синтез – 60 секунд при 72ºС; достройка – 5 минут при 72ºС. Хранение при 10 °С. Амплифицировался цельный фрагмент длиной 262 п.н. .

Для проведения ПДРФ-анализа BLG-гена 20 мкл ПЦР пробы обрабатывали 5 ед. эндонуклеазы рестрикции Hae III в 1×буфере «G» фирмы СибЭнзим (Россия) при 37 °С в течение ночи. Для визуализации ПЦР-ПДРФ-фрагментов образцы ДНК вносили в лунки геля, содержащего 2,5% агарозы с высоким разрешением, 0,5 мкг/мл этидия бромида и выполняли электрофорез горизонтальный при напряжении 15В/см в 1×ТВЕ буфере, продолжительностью 40 мин. Далее электрофорезный гель визуализировали и идентифицировали генотипы бета-лактоглобулина по количеству и размеру фрагментов под ультрафиолетовым светом при помощи гель-документирующей системы E-Box-CX5.TS-20.M.

Наличие двух фрагментов длиной 153 и 109 п.н. соответствует генотипу BLG^{AA}, четырех фрагментов длиной 153, 109, 79 и 74 п.н. – генотипу BLG^{AB}, в то время как наличие трех фрагментов длиной 109, 79 и 74 п.н. соответствует генотипу BLG^{BB}.

2.5 Тестирование крупного рогатого скота по гену лептина (LEP) способом АС-ПЦР

Для проведения ПЦР реакции в конечном объеме 20 мкл использовали 1× ПЦР буфер (16,6 мМ (NH4)2SO4; 67,7 мМ Трис – HCl, pH = 8,8; 0,1 (v/v) Tween 20), 1,5 мМ MgCl2, 200 мкМ диоксинуклеозидтрифосфатов, 30 пмоль каждого из праймеров и 1 Ед Taq-полимеразы. Амплификацию проводили стандартным методом ПЦР анализа на ДНК-амплификаторе C 1000 Touch Thermal Cycler «BioRad» (Singapore) в объеме 20 мкл, с четырьмя олигонуклеотидными праймерами:

LEP-F1: 5' – GAC GAT GTG CCA CGT GTG GTT TCT TCT GT – 3'
LEP-R1: 5' – CGG TTC TAC CTC GTC TCC CAG TCC CTC C – 3'

LEP-F2: 5' – TGT CTT ACG TGG AGG CTG TGC CCA GCT – 3'
LEP-R2: 5' – AGG GTT TTG GTG TCA TCC TGG ACC TTT CG – 3'

После начальной денатурации (94ºС, 5 мин) выполняли 40 циклов амплификации в следующем температурно-временном режиме: денатурация – 10 секунд при 94ºС, отжиг – 10 секунд при 63ºС, синтез – 10 секунд при 72ºС; достройка – 5 минут при 72ºС. Хранение при 10 °С

Амплифицировались фрагменты длиной 239 и 164 п.н. (аллель С) и 239 и 131 п.н. (аллель Т).

Для визуализации АС-ПЦР-фрагментов образцы вносили в лунки геля, содержащего 2,5% агарозы с высоким разрешением, 0,5 мкг/мл этидия бромида и выполняли электрофорез горизонтальный при напряжении 15 В/см в 1×ТВЕ буфере, продолжительностью 40 мин. Далее электрофорезный гель визуализировали и идентифицировали генотипы LEP по количеству и размеру фрагментов под ультрафиолетовым светом при помощи гельдокументирующей системы E-Box-CX5.TS-20.M.

Наличие двух фрагментов длиной 239 и 164 п.н. соответствует генотипу LEP^{CC}, трех фрагментов длиной 239, 164 и 131 п.н. – генотипу LEP^{CT}, в то время как наличие двух фрагментов длиной 239 и 131 п.н. соответствует генотипу LEP^{TT}.

2.6 Тестирование крупного рогатого скота по гену фактора некроза опухоли альфа (*TNF-α*) способом ПЦР-ПДРФ

Полимеразная цепная реакция (ПЦР). С помощью специфических праймеров амплифицируют фрагмент гена TNF-α. В исследованиях использовали:

прямой праймер 5'-CCGAGAAATGGGACAACCT-3'

обратный праймер 5'-GCCATGTATCCCCAAAGAAT-3'.

ПЦР проводят в определённом температурном режиме: денатурация – 30 секунд при 95 °С, отжиг – 30 секунд при 60 °С, синтез – 30 секунд при 72 °С (35 циклов). Реакционная смесь обычно содержит ДНК, праймеры, dNTP, буфер и Taq-ДНК-полимеразу.

Рестрикция амплифицированного продукта. После ПЦР полученный фрагмент ДНК обрабатывают эндонуклеазой (рестриктазой). В зависимости от наличия или отсутствия мутации в исследуемом участке рестриктаза может либо разрезать ДНК, либо нет. Для рестрикции использовали эндонуклеазу EcoICRi.

Электрофорез и анализ результатов. Продукты рестрикции разделяют с помощью электрофореза в агарозном геле. Для визуализации фрагментов ДНК в гель добавляют краситель, например, бромистый этидий. Размеры фрагментов оценивают по их подвижности в сравнении со стандартными ДНК-маркерами. По длине фрагментов делают вывод об аллельном полиморфизме и генотипе животного (например, AA, AG или GG). [Позовникова, М. В., Сердюк Г.Н.,2017].

2.7 Тестирование крупного рогатого скота по гену (*PIT1*) способом ПЦР-ПДРФ

С помощью специфических праймеров амплифицируют фрагмент гена PIT-1. В исследованиях использовали следующие праймеры:

прямой (f): 5'-CAATGAGAAAGTTGGTGCTGC-3';

обратный (r): 5'-TCTGCATTCGAGATGCTC-3'.

Программа амплификации включает: денатурацию в течение 3 минут при 94 °C; 35 циклов, каждый из которых состоит из этапов: 94 °C – 15 секунд (денатурация), 54 °C–30 секунд (отжиг), 72 °C – 1 секунда (элонгация); финальную элонгацию при 72 °C в течение 4 минут.

В реакционную смесь обычно включают ДНК, dNTP, Taq-буфер, Taq-ДНК-полимеразу и олигонуклеотидные праймеры.

Рестрикция амплифицированного продукта. Полученные ПЦР-пробы обрабатывают эндонуклеазой (рестриктазой). Для анализа полиморфизма гена PIT-1 используют рестриктазу HinfI. Рестрикцию проводят, в течение 16 часов при температуре 37 °C.

Электрофорез и анализ результатов. Продукты рестрикции разделяют с помощью электрофореза в агарозном геле. Например, электрофоретическое разделение фрагментов может проводиться в горизонтальной камере в течение 30 минут в 1%-ном агарозном геле в 10×ТБЕ-буфере в присутствии бромида этидия.

При визуализации продуктов ПЦР-ПДРФ можно выявить три генетических типа с разной длиной пар нуклеотидов:

AA – 270, 425, 660;

AB – 270, 385, 425, 660;

BB – 270, 385, 660.

Аллель А характеризуется отсутствием сайта рестрикции для фермента HinfI, а аллель В определяется точечной мутацией, приводящей к замене аденина на гуанин (A→G).

Полученные результаты фиксировали и определяли с помощью системы видеодокументации GelDoc.

2.8 Тестирование крупного рогатого скота по гену Стеарил-КоА десатураза (SCD1) способом ПЦР-ПДРФ

В работе оптимизирована программа ПЦР с определенной коррекцией температурного и временного режимов реакции, что обеспечивает оптимальную ПЦР амплификацию фрагментов. Для амплификации фрагментов гена и SCD1 использовали следующие праймеры:

SCD1-F878:5′-ATGATGGATACCGCCCTTATGAC-3′,

SCD1-R878:5′-TTCTGGCACGTAACCTAATACCCTAAGC-3′.

Молекулярную массу продуктов ПЦР-ПДРФ определяли методом горизонтального электрофореза в 2-2,5 % агарозном геле. Для приготовления геля использовали агарозу, трис-боратный буфер (ТВЕ-буфер), 10% бромид этидия 5 мкл.

Рестрикция амплифицированного продукта. Полученные ПЦР-пробы обрабатывают эндонуклеазой (рестриктазой). Для анализа полиморфизма гена SCD1 используют рестриктазу Fsp4HI. Рестрикцию проводят, в течение 16 часов при температуре 37 °С.

В качестве маркера молекулярной массы использовали ДНК-маркеры 100 п.н. + 50 п.н. (11 фрагментов от 50 до 1000 п.н.) (СибЭнзим, Россия). В первую лунку геля добавляли маркер, а в остальные лунки добавляли предварительно окрашенные образцы ПЦР-ПДРФ.

Электрофорез проводили при 200 мА, 150 В (Эльф8, ДНК-Технологии, Россия). Полученные результаты фиксировали и определяли с помощью системы видеодокументации GelDoc (BioRad, США).

2.9 Тестирование крупного рогатого скота по гену OLR1 способом ПЦР-ПДРФ

В работе оптимизирована программа ПЦР с определенной коррекцией температурного и временного режимов реакции, что обеспечивает оптимальную ПЦР амплификацию фрагментов. Для амплификации фрагментов гена и SCD1 использовали следующие праймеры:

OLR1-F-5'-TATCCTTCAGGGACCTGTGC-3

OLR1-R - 5'-CAGCAAATGTTGCAAAAACAA-3'.

Молекулярную массу продуктов ПЦР-ПДРФ определяли методом горизонтального электрофореза в 2-2,5 % агарозном геле. Для приготовления геля использовали агарозу, трис-боратный буфер (ТВЕ-буфер), 10% бромид этидия 5 мкл.

Рестрикция амплифицированного продукта. Полученные ПЦР-пробы обрабатывают эндонуклеазой (рестриктазой). Для анализа полиморфизма гена SCD1 используют рестриктазу PstI. Рестрикцию проводят, в течение 16 часов при температуре 37 °С.

В качестве маркера молекулярной массы использовали ДНК-маркеры 100 п.н. + 50 п.н. (11 фрагментов от 50 до 1000 п.н.) (СибЭнзим, Россия). В первую лунку геля добавляли маркер, а в остальные лунки добавляли предварительно окрашенные образцы ПЦР-ПДРФ.

Электрофорез проводили при 200 мА, 150 В (Эльф8, ДНК-Технологии, Россия). Полученные результаты фиксировали и определяли с помощью системы видеодокументации GelDoc (BioRad, США).

2.10 Методика STR -тестирования крупного рогатого скота

Генотипирование животных по STR- маркёрам производилось с помощью реагентов производства ООО «Синтол», «Gene Profile Cattle». В основе работы набора лежит мультиплексная амплификация 16 STR-локусов с последующим анализом длин ПЦР-продуктов методом капиллярного электрофореза. Из них 12-ть рекомендованы Международным Обществом Генетики Животных (International Society of Animal Genetics - ISAG): BM1818, BM1824, BM2113, ETH3, ETH10, ETH225, INRA023, SPS115, TGLA53, TGLA122, TGLA126, TGLA227. Три локуса рекомендованы Продовольственной и сельскохозяйственной организацией Объединенных Наций (Food and Agriculture Organization of the United Nations - FAO) для генетических исследований домашних животных: CSSM66, CSRM60, ILSTS006. Так же дополнительно включен высокополиморфный локус HAUT27. Исследования проведены согласно методике производителя ООО «Синтол»[Gene Profile Cattle : инструкция к набору реактивов,2025].

2.11 Методика определения качества и сыропригодности молока

Качество молока оценивали по показателям: содержание жира и белка, СОМО, плотность, лактоза, добавленная вода, температура пробы, точка замерзания, pH на анализаторах Lactoscan COMBO и Lactoscan MCCW:

1. Отобранные пробы молока нагревали на водяной бане до 27-30°С.

2. Каждую пробу молока нужно перемешать для нормального распределения жировых шариков в молоке.

3. Далее проба молока помещается в нишу анализатора, проба всасывается и происходит анализ молока в течении 1 минуты.

4. Данные действия повторяются с каждой анализируемой пробой.

Определение сычужной пробы молока проходило в несколько этапов по методике [Кугенев П. В. 1988; ГОСТ,2014].

2.12 Расчет селекционно-генетических параметров стада

Определение частот аллелей и генотипов

Соотношение генотипов в популяции выражается математической формулой Харди-Вайнберга, взятой для двухаллельного локуса:

$$p^2AA: 2pqAa: q^2aa,\ p + q = 1,$$

где p и q – частоты генов.

Частоту аллелей и генотипов в популяции вычисляют по формуле:

$$P_i = \frac{n_i}{N},$$

где P_i – частота i аллелей или генотипа в популяции; n_i – число животных – носителей данного антигена или генотипа; N – общая численность исследованных животных в популяции.

Частоту аллеля в популяции при известных генотипах определяют по формуле:

$$p_i = f_i / 2N,$$

где p_i – частота i-го аллеля; f_i – число этого аллеля в популяции, N – численность популяции.

Ошибку для качественного признака вычисляют по формуле:

$$m = \sqrt{\frac{p(1-p)}{n}},$$

где p – частота признака; n – число животных в исследуемой выборке.

Для определения достоверной разницы между выборочными долями или процентами частоты генотипов используют формулу:

$$t_d = \frac{P_x - P_y}{\sqrt{m_x^2 + m_y^2}},$$

где P_x – частота генотипа *x*; P_y – частота генотипа *y*.

Для определения индекса генетического сходства между популяциями животных используют формулу Майала и Линдстрема (1966):

$$r = \frac{\sum(p_i \cdot g_i)}{\sqrt{\sum p_i^2} \cdot \sum g_i^2},$$

где r – индекс генетического сходства; p_i, g_i – частоты определенного аллеля в сравниваемых селекционных группах, породах, линиях, семействах и др.

Ошибку вычисляют по формуле Л.А. Животовского (1976):

$$m = \frac{1}{2}\sqrt{\frac{N_1 + N_2}{N_1 \cdot N_2}(1 - r^2)},$$

где N_1 и N_2 – объёмы выборок; r – показатель сходства.

Критерий χ^2

При оплодотворении сочетание гамет происходит случайно, поэтому на проявление закона расщепления оказывает влияние статистическая величина выборки. Чем больше наблюдений будет в эксперименте, тем ближе окажутся результаты опыта (фактически полученное расщепление) к теоретически ожидаемым.

При вычислении χ^2 наблюдения не должны выражаться в процентах или относительных долях, а также число особей в каком-либо классе не должно быть меньше 5 (оптимальное – 50).

Формула расчета критерия χ^2:

$$\chi^2 = \sum_{i=1}^{k} \frac{(O_i - E_i)^2}{E_i},$$

где O_i – экспериментальные данные для I класса; E_i – соответствующие теоретические данные; k – число классов (>2). Отклонение экспериментальных данных от теоретических возводят в квадрат. Поэтому значения χ^2 только положительные с асимметричным распределением.

Определение гомо-, гетерозиготности популяций и числа эффективных

аллелей рассчитывали по формулам:

Уровень гомозиготности популяции по одной генетической системе определяют по формуле:

$Ca = (P_1^2 + P_2^2 + P_3^2 + \ldots\ldots + P_n^2)\ X\ 100,$

где *Ca* – степень гомозиготности, P_1, P_2, P_3, P_n – частоты аллелей.

Коэффициент гомозиготности по ряду систем определяют по формуле Гельдермана

$$SH = \sqrt{\frac{\sum (Hi - \overline{H})^2}{n}},$$

где *SH* – коэффициент гомозиготности по нескольким локусам;

H_i – степень гомозиготности каждого локуса; $\overline{H}$ – средняя гомозиготность по изученным локусам; *n* – число изученных локусов.

Для подсчета ожидаемого уровня гомозиготности в соответствующем локусе используют формулу Робертсона (1956):

$$C_{a\ j\ ожид.} = \sum_{i=1}^{n} q_1^2, \quad C_a = q_1^2 + q_2^2 + \ldots + q_n^2,$$

где $C_{a_{j\ ожид.}}$ – показатель ожидаемой гомозиготности в *j*-м локусе;

q_i – частота *i*-го аллеля; *n* – количество аллелей в локусе.

Для вычисления числа эффективно действующих аллелей $\left(N_{a_j}\right)$ в *j*-м локусе применяют формулу Робертсона (1956):

$$N_{a_j} = 1/C_a,$$

где C_a – показатель гомозиготности.

N_a – величина, обратная коэффициенту C_a, показывающая число эффективно действующих аллелей в исследуемых генах. При этом, чем выше степень гомозиготности, тем меньше число эффективных аллелей и генетическое разнообразие в популяции. [Машуров,Н.О., и др.,1998].

Расчет популяционно-генетических параметров по микросателлитам производился с помощью надстройки для Microsoft Excel «GenAlEx» (Genetic Analysis in

Excel), где с помощью основного инструментария производился расчет популяционно-генетических параметров [Peakall R., Smouse P. E., 2012]. Для построения дендрограмм генетических расстояний использовалась программа PAST (PAleontological STatistics).

3 РЕЗУЛЬТАТЫ ИССЛЕДОВАНИЙ

3.1 Генотипическая структура симментальской и красной степной пород скота по SNP - маркёрам

3.1.1 Генотипическое и аллельное разнообразие симментальской и красной степной пород по генам *CSN3, BLG, LEP, TNF-A, Pit1, SCD, OLR*

Достижения современной молекулярной генетики дают широкую возможность для выявления генов-маркёров и их использования в практической селекции. Это позволяет в значительной мере увеличивать концентрацию желательных с точки зрения продуктивности, генотипов или выделить мутантные аллели, несущие генетические заболевания, тем самым снижать генетический груз в популяциях. SNP-маркеры используются для оценки генетического разнообразия внутри пород и между ними, степени генетической дифференциации между породами, их генетические связи и происхождение.

В наших исследованиях была изучена генотипическая структура красной степной породы и стад симментальской породы по генам *CSN3, BLG, LEP, TNF-A, Pit1, SCD, OLR*, в результате которого установлено генетическое сходство и различие между ними. Так, по частоте генотипов гена *CSN3* исследуемые породы не имеют существенных различий (таблица 1). Желательный, с точки зрения сыропригодности и содержания белка, генотип $CSN3^{BB}$ в породах и стадах находится на уровне 9,4-15,0 %, два других генотипа встречаются в диапазоне от 41-51,2 %. В то же время по некоторым генам наблюдаются достоверно значимые различия. Так, в симментальской породе (St) генотип BLG^{AA} выявлен у 38,5 % животных, что на 29,0 % выше, чем в симментальской (Ch) ($p<0,001$) и на 17,8 %, чем в симментальской (Nt) ($p<0,05$). Соответственно альтернативный аллель этого гена BLG^{BB} в симментальской породе (St) встречается меньше, чем в других сравниваемых породах на 34,1 и 18,0 % ($p<0,001$; $p<0,05$).

Таблица 1–Частота генотипов *CSN3, BLG, LEP, TNF-α, Pit1, SCD1, OLR* молочных пород скота Западной Сибири

Ген	Симмен-тальская (Ch), n=84	Симменталь-ская (St), n=109	Симменталь-ская (Nt), n=159	Красная степная (Nd), n=100
$CSN3^{AA}$	34,5±5,19	41,3±4,72	47,2±4,0	41,0±4,9
$CSN3^{AB}$	51,2±5,45	48,6±4,78	43,4±4.0	44,0±5,0
$CSN3^{BB}$	14,3±3,82	10,1±2,88	9,4±2,3	15,0±3,6
BLG^{AA}	9,5±3,20	38,5±4,66	20,7± 5,3	-
BLG^{AB}	41,7±5,38	46,8±4,78	46,6±6,6	-
BLG^{BB}	48,8±5,45	14,7±3,39	32,7±6,2	-
LEP^{CC}	52,4±5,45	77,1±4,02	66,0±3,8	31,0±4,6
LEP^{CT}	41,7±5,38	22,0±3,97	31,5±3,7	45,0±5,0
LEP^{TT}	5,9±2,57	0,9±0,90	2,5±1,2	24,0±4,3
$TNF\text{-}\alpha^{AA}$	17,9±4,18	-	5,0±1,7	15,0±3,6
$TNF\text{-}\alpha^{GA}$	50,0±5,46	-	41,5±3,9	49,0±5,0
$TNF\text{-}\alpha^{GG}$	32,1±5,09	-	53,5±4,0	36,0±4,8
$Pit1^{AA}$	4,7±2,31	7,3±2,49	6,3±1,9	7,0±2,6
$Pit1^{AB}$	41,7±5,38	36,7±4,62	36,5±3,8	31,0±4,6
$Pit1^{BB}$	53,6±5,43	56,0±4,75	57,2±3,9	62,0±4,9
$SCD1^{CC}$	50,0±5,46	27,5±4,28	48,4±4,0	66,0±4,7
$SCD1^{TC}$	39,3±5,33	51,4±4,79	40,3±3,9	30,0±4,6
$SCD1^{TT}$	10,7±3,37	21,2±3,91	11,3±2,5	4,0±2,0
OLR^{AA}	6,0±2,59	4,6±2,01	6,9±3,3	-
OLR^{AC}	36,9±5,27	35,8±4,59	31,0±6,1	-
$OLR1^{CC}$	57,1±5,40	59,6±4,7	62,1±6,4	-
«-» генотип не определялся				

Полиморфизм гена *LEP* в стадах симментальской породы имеет некоторое разнообразие в соотношениях генотипов. Наиболее высокая частота гомозиготного генотипа LEP^{CC} выявлена в стаде симментальской породы (St) – 77,1%, что на 24,7% выше, чем в стаде (Ch), и на 46,1 %, чем в красной степной породе ($p<0,001$). Напротив, генотип LEP^{TT}, оказывающий влияние на жирность молока, в стадах симменталов встречается от 0,9 до 5,9 %, тогда как в красной степной породе таких животных 24,0 %. Различие составляет 18,1-23,1% ($p<0,001$).

Породы также отличаются по соотношению генотипов *TNF-α*. При этом следует отметить, что соотношение генотипов гена $TNF\text{-}\alpha$ имеют сходное значение в красной степной породе и симментальской в стаде (Ch), и отличаются от полиморфизма в стаде (Nt). Так, частота гомозиготного генотипа $TNF\text{-}\alpha^{GG}$ в этом стаде

составляет 53,5%, что на 17,5 % выше, чем в красной степной и на 21,4 %, чем в симментальской породе (Ch) ($p<0,01$; $p<0,001$).

Определены породные различия и по полиморфизму гена *SCD1*. Красная степная порода характеризуется высокой концентрацией генотипа $SCD1^{CC}$ – 66,0%, что выше, чем в симментальской (St) на 38,5 % ($p<0,001$) и на 17,6 % симментальской (Nt). Следует отметить, что изучаемые породы и стада не имеют значимых различий в частотах генотипов генов *Pit1* и *OLR.*

Аллельный профиль изучаемых стад и пород представлен в таблице 2. По частоте аллелей гена *CSN3* статистически значимых различий не выявлено. В гене *BLG* выявлено неравномерное соотношение аллелей. В симментальской породе (St) преобладающим был аллель BLG^A, частота которого была выше, соответственно альтернативного аллеля ниже, чем в других стадах симментальской породы на 0,179 и 0,315 ($p<0,001$). В гене *LEP* обращает на себя внимание более высокая частота аллеля LEP^T и более низкая частотность альтернативного аллеля LEP^C в красной степной породе. Различия со стадами симментальской породы находятся в пределах 0,197-0,346 ($p<0,001$).

Таблица 2–Частота аллелей *CSN3, BLG, LEP, TNF- α, Pit1, SCD1, OLR* генов молочных пород скота в разных эколого-географических зонах

Аллель	Симментальская (St)	Симментальская (Ch)	Симментальская (Nt)	Красная степная
$CSN3^A$	0,656±0,032	0,601±0,038	0,689±0,025	0,630±0,034
$CSN3^B$	0,344±0,032	0,399±0,038	0,311±0,025	0,370±0,034
BLG^A	0,619±0,033	0,304±0,036	0,440±0,028	-
BLG^B	0,381±0,033	0,696±0,036	0,660±0,028	-
LEP^C	0,881±0,022	0,732±0,034	0,818±0,022	0,535±0,035
LEP^T	0,119±0,022	0,268±0,034	0,182±0,022	0,465±0,035
$TNF\text{-}\alpha^A$	-	0,429±0,038	0,258±0,025	0,395±0,034
$TNF\text{-}\alpha^G$	-	0,571±0,038	0,742±0,025	0,605±0,035
$Pit1^A$	0,257±0,030	0,256±0,034	0,245±0,024	0,225±0,030
$Pit1^B$	0,743±0,030	0,744±0,034	0,755±0,024	0,775±0,030
$SCD1^C$	0,532±0,039	0,696±0,036	0,686±0,026	0,810±0,028
$SCD1^T$	0,468±0,039	0,304±0,036	0,314± 0,026	0,190±0,028
$OLR1^A$	0,225±0,028	0,244±0,033	0,224±0,023	-
$OLR1^C$	0,0775±0,028	0,756±0,033	0,776±0,023	-
«-» аллель не определялся				

Стада симментальской породы (Ch) и (Nt) отличаются частотностью аллелей гена *TNF- α.* Более высокая частота *TNF- α^A* выявлена в стаде (Ch) на 0,171, чем в стаде (Nt) (p<0,001). В гене *SCD1* обращает внимание более высокая частота аллеля *$SCD1^C$* в красной степной породе – 0,810. Превышение над стадами симментальской породы составляет 0,114-0,278 (p<0,05; p<0,001).

Соотношение аллелей гена *Pit1* и *OLR* имеют сопоставимые значения.

3.1.2 Популяционно-генетическая характеристика симментальской и красной степной пород

На основании частот аллелей и генотипов рассчитаны популяционно-генетические параметры (таблица 3), анализ которых показывает, что симментальская порода характеризуется более высокой гомозиготностью, меньшей генетической изменчивостью, соответственно меньшим числом действующих аллелей и коэффициентом PIC, в сравнении с красной степной породой. Это, возможно, явилось следствием более высокого селекционного давления, что отразилось на частоте генотипов и аллелей, связанных с этими признаками. В разрезе симментальской породы выделялось стадо (Ch), где гомозиготность была ниже, чем в остальных стадах симментальской породы, а генетическая изменчивость выше. Уровень PIC во всех стадах был примерно на одном уровне.

Таблица 3 – Популяционно-генетическая характеристика стад молочного скота разных эколого-географических зон

Стада	Ca	Naj	V, %	PIC
Симментальская (Nt)	60,70	1,65	39,90	0,390
Симментальская (Ch)	57,50	1,74	43,20	0,370
Симментальская(St)	60,71	1,65	39,29	0,392
Красная степная	58,03	1,72	42,40	0,420

Генное равновесие в стадах не нарушено (таблица 4). χ^2 находится в пределах 0,000-1,183, что может свидетельствовать о стабильности генетической структуры популяций.

Таблица 4 – Значение критерия χ^2 по SNP- маркерам

Ген	Симменталь-ская (St)	Симменталь-ская (Ch) n=84	Симменталь-ская (Nt) n=159	Красная степная n=100
CSN3	0,650	0,383	0,008	0,315
BLG	0,008	0,018	0,231	-
LEP	0,234	0,322	0,652	0,915
TNF- α	-	0,038	1,073	0,063
SCD1	0,108	0,416	0,697	0,064
Pit1	0,161	0,739	0,070	1,183
OLR1	0,076	0,000	0,691	-
«-» генотип не определялся				

При анализе селекционно-генетических параметров по *CSN3*, *BLG*, *LEP*, *TNF- α*, *Pit1*, *SCD1*, *OLR* генам не выявлено каких-либо существенных отличий между ними (таблица 5).

Таблица 5–Гетерозиготность разных стад пород молочного направления

Показатель	*CSN3*	*BLG*	*TNF- α*	*LEP*	*SCD1*	*Pit1*	*OLR1*
Симменталы (Ch)							
(observed) (Hobs)	43	35	42	35	33	35	31
(expected) (Hex)	40,3	35,6	41,2	32,9	35,6	32,0	31,0
Индекс фикса-ции (Fis)	-0,067	+0,017	-0,020	-0,064	+0,073	-0,095	-0,000
Симментальская (St)							
(observed) (Hobs)	53	51	-	24	56	40	39
(expected) (Hex)	49,2	51,4	-	22,8	54,3	41,6	38,0
Индекс фикса-ции (Fis)	-0,078	+0,009	-	-0,053	-0,032	+0,039	-0,026
Симментальская (Nt)							
(observed) (Hobs)	45	27	66	50	64	58	18
(expected) (Hex)	43,4	28,6	60,9	47,3	68,5	58,8	20,2
Индекс фикса-ции (Fis)	-0,037	+0,056	+0,084	-0,057	+0,066	+0,014	+0,109
Красная степная(Nd)							
(observed) (Hobs)	44	-	49	45	30	30	-
(expected) (Hex)	46,6	-	47,7	49,7	30,7	34,8	-
Индекс фикса-ции (Fis)	+0,056	-	-0,027	+0,095	+0,023	+0,109	-
«-» генотип не определялся							

Наблюдаемая и ожидаемая гетерозиготность имеет сопоставимые значения, недостатка или избытка гетерозигот не наблюдается. Индекс фиксации имеет отрицательное или слабо положительное значение, что может свидетельствовать об отсутствии инбридинга в стадах.

На основании частот аллелей был рассчитан индекс генетического сходства, показывающий высокий уровень сходства сравниваемых стад и несколько ниже пород. Коэффициенты генетического сходства между стадами симментальской породы находятся в пределах 0,908–0,968. Наиболее высокое сходство определено между стадами Nt и St (0,968), несколько меньше – между Nt и Ch (0,908), это свидетельствует об их породной принадлежности и генетической однородности (таблица 6). Красная степная порода имеет заметно более низкие коэффициенты сходства со всеми стадами симментальской породы (0,801–0,885), что указывает на её генетическую породную обособленность.

Таблица 6 –Индекс генетического сходства между стадами по SNP маркёрам

Порода	Симменталь-ская (Nt)	Симменталь-ская (St)	Симменталь-ская (Ch)	Красная степная
Симментальская (Nt)	1	0,968	0,908	0,820
Симментальская (St)		1	0,968	0,801
Симментальская (Ch)			1	0,897
Красная степная				1

На основании матрицы генетического сходства между стадами была построена дендрограмма (рисунок 2), которая наглядно показывает общность генетического материала в изучаемых стадах симменталов. Красная степная порода, не смотря на некоторое сходство частот генотипов, образовала отдельный кластер от симментальской, другой кластер образовали стада симменталов Nt и St, расположенных в Алтайском крае, и, возможно, использующих быков родственных линий.

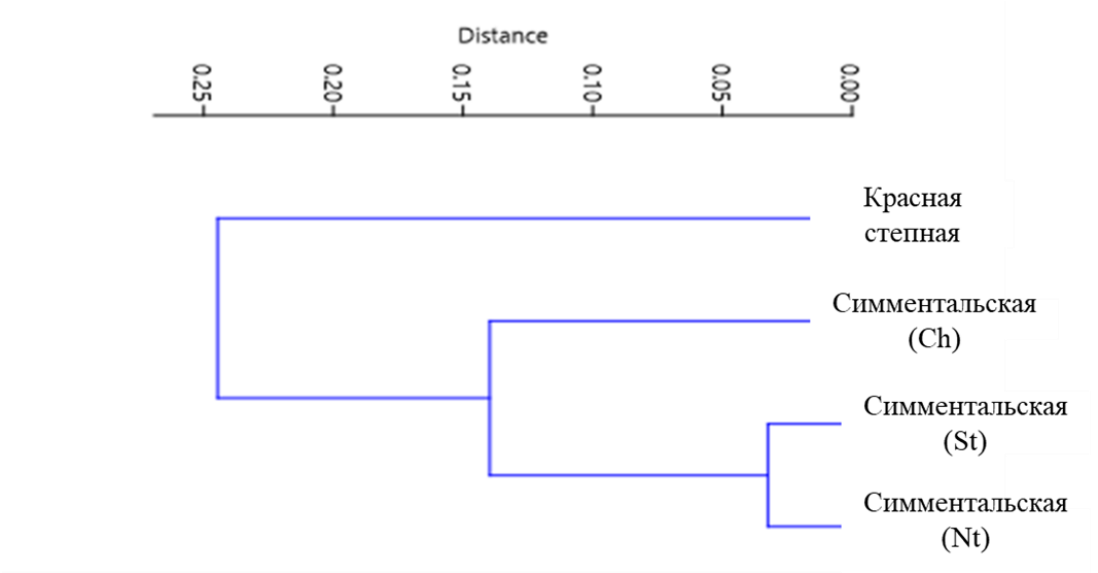


Рисунок 2–Дендрограмма генетического сходства по SNP маркёрам

3.2 Генетическая структура симментальской и красной степной пород по STR- маркёрам

3.2.1 Аллельное разнообразие по STR- маркёрам симментальской и красной степной пород

Генетическое разнообразие и структуру симментальской и красной степной пород изучали с использованием 16 локусов микросаттеллитного анализа. Породы представляли выборки их разных стад Новосибирской области и Алтайского края степной зоны. Формирование стад осуществлялась с использованием импортного материала, для красной степной использовались быки датской селекции, для симментальской – австрийские и немецкие. В настоящее время в селекции симментальской породы используются быки собственной репродукции племпредприятия «Барнаульское». В связи с малочисленностью поголовья красной степной породы с целью нивелирования инбридинга, используется зарубежный племенной материал. Аллельный профиль стад симментальской и красной степной пород представлен на рисунке 3.

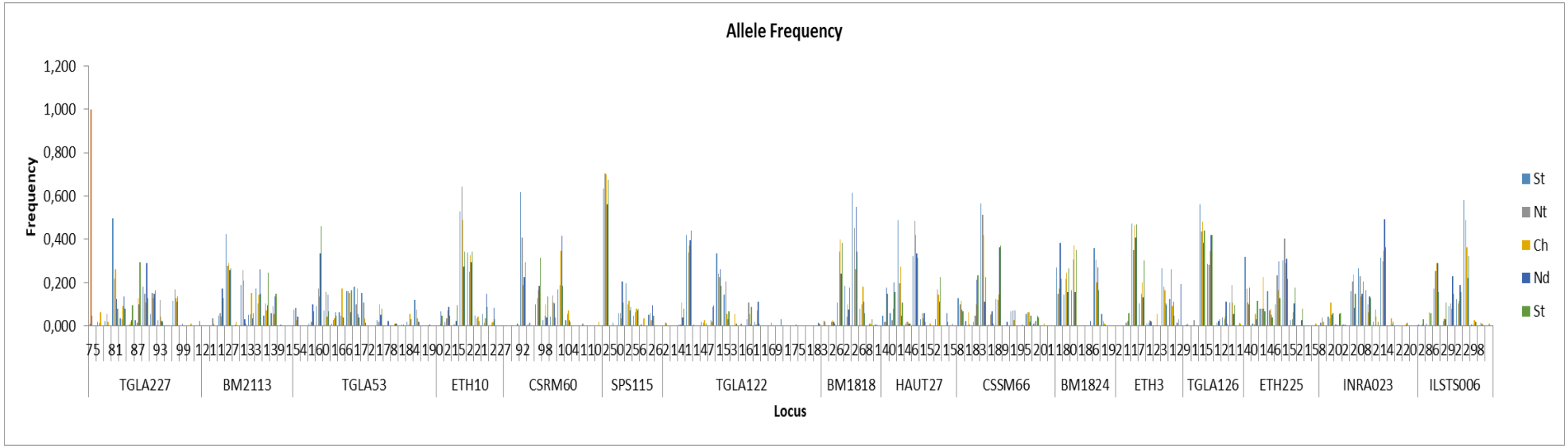


Рисунок 3 – Аллельный профиль стад симментальской и красной степной пород

С целью изучения генетических особенностей каждой породы или стада проведено исследование их разнообразия по частоте аллелей в отдельных локусах (таблица 7). В высокополиморфном TGLA227 локусе выявлено 15 аллелей с разной частотой от 0,0 до 0,497. Обращает внимание общая тенденция распределения частот аллелей, характерных для всех молочных стад. В локусе определены редко встречающиеся аллели, такие как 75, 85, 95, 99, 103, частота которых в анализируемых стадах находится в диапазоне от 0,00 до 0,098. Напротив, часть аллелей встречается во всех стадах с более высокой частотой. К ним относятся такие аллели как 81 с диапазоном от 0,126 до 0,497; аллель 89 (0,109- 0,234); аллель 97 (0,114-0,168). Остальные аллели занимают промежуточное положение.

Таблица 7 –Частота аллелей для локуса TGLA227

Аллель	St	Nt	Ch	Nd	Stp
	n = 314	n = 146	n = 55	n = 250	n = 51
75	0,011	0,048	0,000	0,000	0,000
77	0,021	0,017	0,064	0,000	0,000
79	0,024	0,055	0,018	0,000	0,000
81	0,497	0,219	0,264	0,126	0,078
83	0,037	0,031	0,091	0,138	0,078
85	0,003	0,007	0,018	0,026	0,098
87	0,025	0,014	0,127	0,102	0,294
89	0,180	0,151	0,109	0,290	0,127
91	0,056	0,154	0,127	0,150	0,167
93	0,025	0,120	0,045	0,024	0,020
95	0,003	0,003	0,000	0,000	0,000
97	0,118	0,168	0,127	0,114	0,137
99	0,000	0,010	0,000	0,004	0,000
101	0,000	0,003	0,009	0,002	0,000
103	0,000	0,000	0,000	0,024	0,000

При анализе другого полиморфного локуса TGLA122 выявлен 21 аллель. Показано, что породы характеризуются низкой и высокой частотой одноимённых аллелей этого локуса (таблица 8). Значительная часть аллелей не выявлена или встречается крайне редко и может служить приватными аллелями для того или иного стада. К примеру, аллель 137, приватный для Nt не выявлен в других стадах симменталов. Аллель 139 встречается крайне редко. В то же время следует отметить

высокую частоту в симментальской породе во всех стадах аллеля 143, встречаемость которого находится в пределах 0,339-0,441. К часто встречаемым можно отнести также аллель 151 (0,186-0,334).

Таблица 8 –Частота аллелей для локуса TGLA122

Аллель	St	Nt	Ch	Nd	Stp
	n = 314	n = 146	n = 55	n = 250	n = 51
137	0,000	0,017	0,009	0,000	0,000
139	0,000	0,000	0,000	0,002	0,000
141	0,006	0,007	0,109	0,040	0,078
143	0,422	0,339	0,373	0,394	0,441
145	0,008	0,000	0,000	0,000	0,000
147	0,021	0,014	0,027	0,000	0,010
149	0,003	0,027	0,018	0,090	0,098
151	0,334	0,243	0,227	0,264	0,186
153	0,143	0,205	0,055	0,030	0,069
155	0,002	0,000	0,055	0,002	0,010
157	0,003	0,010	0,000	0,002	0,000
161	0,030	0,110	0,055	0,006	0,088
163	0,019	0,007	0,073	0,112	0,010
165	0,000	0,003	0,000	0,000	0,000
169	0,000	0,014	0,000	0,000	0,000
171	0,000	0,000	0,000	0,032	0,000
173	0,002	0,003	0,000	0,000	0,000
175	0,000	0,000	0,000	0,008	0,000
179	0,002	0,000	0,000	0,000	0,000
181	0,005	0,000	0,000	0,002	0,000
183	0,000	0,000	0,000	0,016	0,010

Несколько иная ситуация наблюдается в менее полиморфных локусах. При анализе локуса SPS115 выявлено всего 8 аллелей, однако их частота более высокая, но также носит равномерный характер (таблица 9). Так, с низкой частотой установлены 3 аллеля: 250, 258 и 262. В то же время более чем у половины животных стада выявлен аллель 248, его максимальная частота наблюдается в стаде Nt – 0,705. Остальные аллели занимают среднее положение.

Таблица 9 – Частота аллелей локуса SPS115

Аллель	St	Nt	Ch	Nd	Stp
	n = 314	n = 146	n = 55	n = 250	n = 51
248	0,634	0,705	0,700	0,560	0,676
250	0,002	0,014	0,000	0,000	0,000
252	0,059	0,058	0,036	0,204	0,108
254	0,199	0,099	0,118	0,070	0,088
256	0,048	0,065	0,082	0,070	0,078
258	0,006	0,000	0,036	0,000	0,000
260	0,053	0,058	0,027	0,096	0,049
262	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000

3.2.2 Популяционно-генетическая характеристика симментальской и красной степной пород по STR-маркёрам

Одним из ключевых теоретических положений популяционной генетики является равновесие Харди-Вайнберга, описывающее условия, при которых частоты аллелей и генотипов остаются постоянными из поколения в поколение.

Генетическое равновесие изучено во исследуемых стадах симментальской и красной степной пород. По литературным источникам в породах наблюдается значительное отклонение генного равновесия [Олейник С.А., Лесняк А.В.,2025]. В породах сельскохозяйственных животных генное равновесие может смещаться по причине изменения частот аллелей относительно предыдущего поколения, а также отбором животных в сторону улучшения хозяйственно-ценных признаков. Нашими исследованиями выявлено нарушение генного равновесия в некоторых локусах обеих сравниваемых породах и стадах. Так в стаде симменталов (St) выявлены локусы с высоко значимыми отклонениями ($p<0,001$) TGLA227, ETH10, TGLA122 (таблица 10,приложение 3). С менее значимым отклонением выявлен один локус ($p<0,01$) – HAUT27, с низким отклонением три локуса – BM2113, TGLA53, ETH225.

В стаде симментальской породы (Nt) 3 локуса имеют крайне значимые отклонения ($p<0,001$) TGLA227, TGLA122, INRA023. В стаде (Ch) также определены локусы с крайне значимыми отклонениями ($p<0,001$) – ETH10, CSRM60. Локусы с

менее значимыми отклонениями (p<0,05), BM1818 ETH225. Остальные локусы в данном стаде находятся в генном равновесии.

Более сглаженную картину можно наблюдать в красной степной породе. В стаде (Nd) крайне значимое отклонение имеет локус TGLA53 (p<0,001), и менее значимое отклонение локус HAUT27 (p<0,05). В стаде (Stp) выявлены 2 локуса со значимым отклонением: локус ETH10 (p <0,01), TGLA126 (p<0,05).

Полученные данные имеют противоречивый характер и требуют дальнейших исследований. Возможно, отклонение от состояния генетического равновесия связано со смещением частот аллелей относительно предыдущего поколения. Так же не стоит исключать отбор в пользу гомозигот.

На основании частот аллелей микросателлитных локусов рассчитаны селекционно-генетические параметры стад и пород, при анализе которых обращает внимание незначительное их варьирование по большинству показателей (таблица 11, приложение 1). В то же время следует отметить, что минимальное число аллелей на локус (Na) выявлено в стаде Stp красной степной породы – 7,125, что меньше, чем в симментальской породе St на 2,313 (p<0,001), симментальской Nt на 2,313 (p<0,01) и красной степной на 2,125 (p<0,05). По остальным стадам и породам существенных различий по минимальному числу аллелей не выявлено.

Популяционно-генетический показатель, такой как эффективное число аллелей (Ne), характеризующий генетическое разнообразие популяций имеет диапазон 3,398- 4,380, достоверных различий между сравниваемы стадами не выявлено.

Генетическое разнообразие по индексу Шенона (I) выше в красной степной породе Nd – 1,643, более низкое его значение отмечено в симментальской породе St – 1,424, различие составляет 0,219 (p<0,05). Остальные стада занимают среднее положение по этому показателю. Число приватных аллелей (No) в исследуемых стадах симментальской и красной степной породы варьирует от 0,0 (красная степная порода Stp) до 0,375 (симментальская St). Достоверных отличий в числе приватных аллелей не выявлено.

Таблица 10 – Генетическое равновесие в стадах симментальской и красной степной породы по STR- маркёрам

Стадо	St		Nt		Ch		Nd		Stp	
Locus	Prob	Signif	Prob	Signif	Prob	Signif	Prob	Signif	Prob	Signif
TGLA227	0,000	***	0,000	***	0,151	ns	0,864	ns	0,368	ns
BM2113	0,025	*	0,493	ns	0,122	ns	0,074	ns	0,184	ns
TGLA53	0,041	*	0,346	ns	0,705	ns	0,000	***	0,905	ns
ETH10	0,000	***	0,998	ns	0,000	***	0,828	ns	0,009	**
CSRM60	0,315	ns	0,589	ns	0,000	***	0,999	ns	0,505	ns
SPS115	0,106	ns	0,809	ns	0,625	ns	0,228	ns	0,607	ns
TGLA122	0,000	***	0,000	***	0,966	ns	0,763	ns	0,244	ns
BM1818	0,920	ns	0,197	ns	0,019	*	0,058	ns	0,537	ns
HAUT27	0,004	**	0,079	ns	0,500	ns	0,039	*	0,375	ns
CSSM66	0,170	ns	0,184	ns	0,546	ns	0,385	ns	0,902	ns
BM1824	0,129	ns	0,820	ns	0,872	ns	0,869	ns	0,051	ns
ETH3	0,586	ns	0,206	ns	0,750	ns	0,367	ns	0,794	ns
TGLA126	0,969	ns	0,949	ns	0,272	ns	0,726	ns	0,025	*
ETH225	0,017	*	0,881	ns	0,046	*	0,932	ns	0,101	ns
INRA023	0,528	ns	0,000	***	0,870	ns	1,000	ns	0,253	ns
ILSTS006	0,998	ns	0,997	ns	0,124	ns	0,983	ns	0,802	ns

* – значимо (Prob<0,05);

** – высоко значимо (Prob<0,01);

*** – крайне значимо (Prob<0,001)

ns – не значимо

Таблица 11 – Селекционно-генетические параметры сравниваемых стад и пород

Параметры	St	Nt	Ch	Nd	Stp
Na	9,438±0,689	9,438±0,769	8,125±0,523	9,250±0,661	7,125±0,417
Ne	3,398±0,368	4,125±0,422	4,380±0,391	4,254±0,266	4,163±0,294
I	1,424±0,076	1,584±0,086	1,634±0,082	1,643±0,068	1,573±0,067
No. Private Alleles	0,375±0,125	0,188±0,101	0,125±0,085	0,250±0,194	0,000
He	0,672±0,023	0,721±0,027	0,743±0,024	0,750±0,017	0,739±0,021
uHe	0,673±0,023	0,724±0,027	0,750±0,024	0,751±0,017	0,746±0,021
Fis	-0,051±0,015	-0,041±0,012	0,014±0,021	-0,021±0,014	-0,041±0,023

Значения наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности находятся на одном уровне, показано незначительное превышение числа ожидаемых гетерозигот и соответственно, индекс фиксации Fis имеет слабое отрицательное значение, что свидетельствует об отсутствии инбридинга во всех стадах. В симментальские породе Ch, индекс фиксации Fis имеет слабое положительное значение.

О генетических особенностях и их обособленности, уникальности, можно судить по числу приватных аллелей (No. Private Alleles), которые могут встретиться только в данной популяции породе или стаде (таблица 12). В наших исследованиях показано, что в стаде симменталов Ch выявлено 2 приватных аллеля с частотой 0,000 и Ch 0,000 Nd 0,018.

Таблица 12 – Частота приватных аллелей в симментальской и красной степной пород

Порода	Локус	Аллель	Частота
Ch			
Ch			
Nd			
Nd			

На основании частот генотипов и аллелей дана сравнительная оценка генетического сходства стад и пород. Показано, что генетическое сходство между стадами одной породы выше (от 0,903 до 0,957), чем межпородное (0,809-0,926) (таблица 13). Наиболее высокое его значение показано между породами в стадах Ch и Stp (0,926) а между стадами одной породы Nd и Stp –0,924 соответственно. Наиболее низкое сходство между породами имеют стада St и Nd – 0,809, а между стадами одной породы St и Ch – 0,903.

Таблица 13– Матрица генетического сходства между стадами симментальской и красной степной пород

Стада/породы	St	Nt	Ch	Nd	Stp
St					
Nt					
Ch					
Nd					
Stp					

Выявленное генетическое сходство и различие молочных стад и пород подтвердилось в дендрограмме генетических расстояний (рисунок 4). Все анализируемые выборки распределились на 2 больших кластера по породам: красная степная объединились в один кластер, второй кластер образовали стада симментальской породы. При этом следует отметить, что Nt и Ch находятся внутри второго кластера, образовав один подкластер, что вполне объяснимо формированием этих стад, где был обмен племенным материалом.

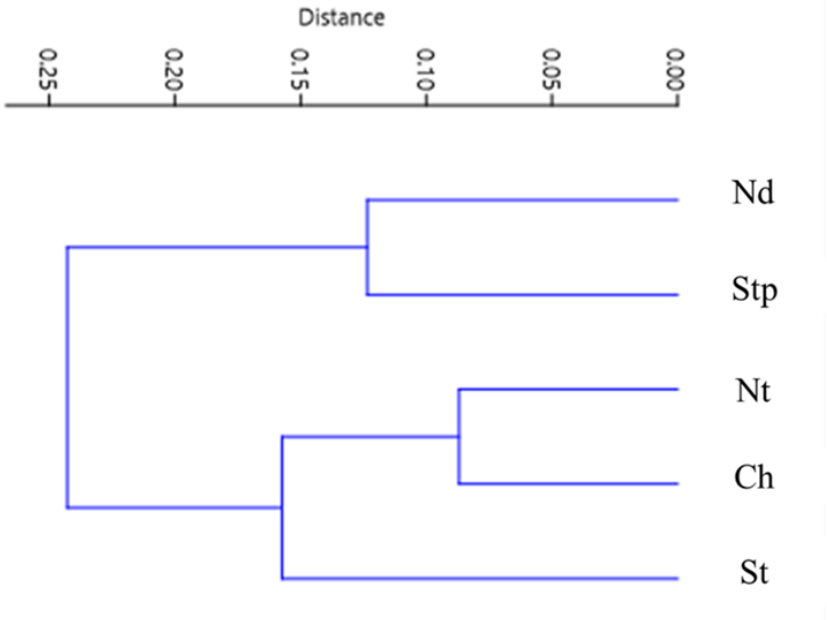


Рисунок 4 – Дендрограмма генетических расстояний между стадами и породами молочного скота

Проведённый анализ главных компонент более наглядно отображает пространственное положение анализируемых пород и стад, их генетическое сходство и различие (рисунок 5). Симменталы из стад St и Nt находятся в одной плоскости,

в другой плоскости стада красной степной из Nd и Stp. Между ними расположилась симментальская порода стада Ch, которое отличается свой не типичностью.

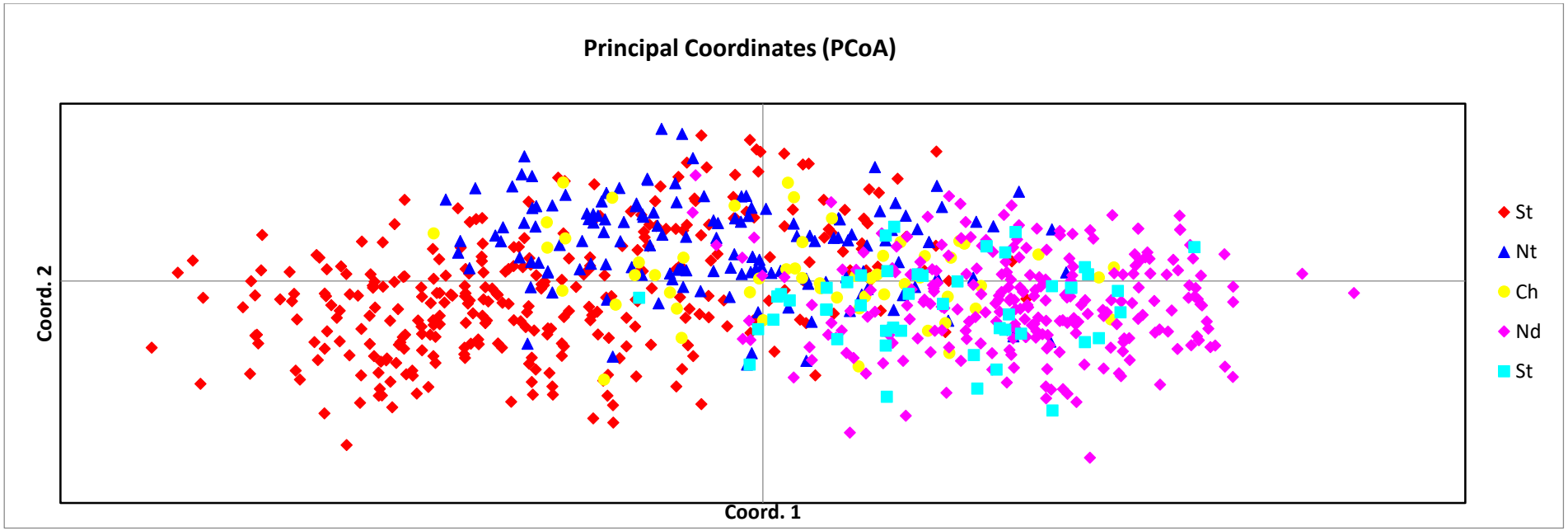


Рисунок 5 – Анализ главных компонент

3.3 Влияние генотипов на хозяйственно-ценные признаки молочных пород

3.3.1 Связь генотипов с молочной продуктивностью и воспроизводительными качествами коров симментальской породы

Ассоциативные связи генетических маркёров с продуктивными признаками имеют некоторые особенности, связанные с предшествующей селекцией, в связи с этим наши исследования были направлены на их выявление в симментальской породе скота. Исследования проведены с учётом молочной продуктивности за 305 дней лактации по первой, второй, третьей и старше лактациям. Значимый, в отношении содержания белка и сыропригодности ген *CSN3,* особенно важен для симментальской породы. По первой лактации нами не установлены приоритетные генотипы ни по одному из учтённых признаков (таблица 14).

Таблица 14 – Продуктивность коров симментальской породы с учётом генотипов гена *CSN3*

Показатель	Генотип		
	$CSN3^{AA}$	$CSN3^{AB}$	$CSN3^{BB}$
Первая лактация			
n	36	41	9
Удой, кг	6558,5 ± 194,5	6819,0 ± 183,1	6480,8 ± 623,0
Жир, %	4,17 ± 0,01	4,16 ± 0,01	4,17 ± 0,02
Жир, кг	273,7 ± 8,1	283,9 ± 7,57	270,6 ± 26,6
Белок, %	3,22 ± 0,00	3,22 ± 0,00	3,20 ± 0,02
Белок, кг	211,4 ± 6,3	222,0 ± 5,6	208,2 ± 20,4
Вторая лактация			
n	25	24	5
Удой, кг	7007,0 ± 208,0	7456,6 ± 303,8	5485,4 ± 339,1
Жир, %	4,13 ± 0,01	4,14 ± 0,01	4,11 ± 0,02
Жир, кг	289,6 ± 8,7	309,5 ± 12,8	225,5 ± 15,1
Белок, %	3,22 ± 0,00	3,22 ± 0,00	3,22 ± 0,00
Белок, кг	225,8 ± 6,7	240,2 ± 9,8	176,6 ± 11,0
Третья лактация и старше			
n	32	29	15
Удой, кг	8313,3 ± 255,3	7763,8 ± 391,2	6376,5 ± 260,9
Жир, %	4,16 ± 0,01	4,16 ± 0,01	4,12 ± 0,02
Жир, кг	346,4 ± 10,9	323,4 ± 16,6	262,9 ± 11,1
Белок, %	3,22 ± 0,00	3,22 ± 0,00	3,22 ± 0,00
Белок, кг	268,0 ± 8,2	250,2 ± 12,6	205,5 ± 8,4

По второй лактации коровы с генотипом $CSN3^{AA}$ и $CSN3^{AB}$ имели больше удой на 1521,6 кг и 1971,2 кг по сравнению с коровами $CSN3^{BB}$ соответственно (p <0,001). По содержанию массой доли жира существенных различий между этими генотипами не выявлено, однако по содержанию общего жира в молоке различие между этими генотипами достигает порога достоверности и составляет 64,1 и 84 кг соответственно (p <0,001). Аналогичная ситуация наблюдается по белку. Массовая доля белка в стаде не имеет изменчивости, однако по общему содержанию белка приоритетное положение занимают гетерозиготный и гомозиготный генотип $CSN3^{AA}$, у которых этот показатель был выше на 49,2 кг и 63,6 кг, чем у гомозигот $CSN3^{BB}$ (p <0,001).

По третьей лактации и старше выявленная зависимость подтвердилась. Коровы с генотипами $CSN3^{AA}$ и $CSN3^{AB}$имели удой выше на 1936,8 и 1387,3 кг в сравнении с генотипом $CSN3^{BB}$ (p <0,001, p <0,01). По массовой доле жира различий не выявлено, а содержание общего жира было выше у коров с генотипами $CSN3^{AA}$ и $CSN3^{AB}$ на 83,5 и 60,5 кг соответственно (p <0,001, p<0,01). По содержанию общего белка по этим генотипам разница составляет 62,5 кг и 44,7 кг (p <0,001, p <0,01).

При анализе ассоциативной связи генотипов гена *BLG* установлено, что коровы с генотипом BLG^{AA} отличаются более высоким удоем, содержанием общего жира и белка по первой и третьей лактации, хотя абсолютные значения различий были несколько ниже, чем по гену *CSN3* (таблица 15). В первой лактации коровы с генотипом BLG^{AA} превосходили животных BLG^{BB} на 1132,2 кг (p <0,01). Гетерозиготные коровы по этому гену также превосходили гомозиготных по аллелю BLG^{B} на 1054,4 кг (p <0,05). Массовая доля жира белка у коров с разными генотипами не имела существенных различий, однако по общему содержанию жира и белка различие составляло: 42,8- 47,1 кг и 36,4-36,9 кг в пользу генотипов BLG^{AA} и BLG^{AB} соответственно (p <0,05).

Таблица 15 – Продуктивность коров симментальской породы с учётом генотипов гена *BLG*

Показатель	Генотип		
	BLG^{AA}	BLG^{AB}	BLG^{BB}
Первая лактация			
n	34	42	10
Удой, кг	6844,2 ± 172,8	6766,4 ± 197,4	5712,0 ± 484,0
Жир, %	4,18 ± 0,01	4,16 ± 0,01	4,19 ± 0,04
Жир, кг	285,8 ± 7,2	281,5 ± 8,3	238,7 ± 19,3
Белок, %	3,22 ± 0,00	3,22 ± 0,00	3,21 ± 0,02
Белок, кг	220,6 ± 5,6	220,1 ± 6,1	183,7 ± 15,7
Вторая лактация			
n	19	25	10
Удой, кг	7460,5 ± 359,7	6908,5 ± 220,8	6709,8 ± 436,0
Жир, %	4,14 ± 0,01	4,13 ± 0,01	4,12 ± 0,02
Жир, кг	309,5 ± 15,1	285,7 ± 9,3	277,2 ± 18,8
Белок, %	3,22 ± 0,00	3,22 ± 0,00	3,22 ± 0,00
Белок, кг	240,4 ± 11,6	222,5 ± 7,2	216,2 ± 14,1
Третья лактация и старше			
n	15	38	23
Удой, кг	8453,1 ± 400,6	7721,9 ± 307,4	7243,4 ± 349,5
Жир, %	4,17 ± 0,01	4,16 ± 0,01	4,13 ± 0,02
Жир, кг	353,0 ± 16,9	321,6 ± 12,9	299,6 ± 15,2
Белок, %	3,22 ± 0,00	3,22 ± 0,00	3,22 ± 0,00
Белок, кг	272,5 ± 12,9	248,9 ± 9,9	233,5 ± 11,3

По третьей лактации различия установлены по удою, общему содержанию жира и белка только между генотипами BLG^{AA} и BLG^{BB}. Коровы с генотипом BLG^{AA} превосходили животных с генотипом BLG^{BB} по удою на 1209,7 кг, молочного жира на 53,4 кг, молочного белка на 39 кг ($p < 0,05$).

Различий в молочной продуктивности и качественном составе молока у коров с разными генотипами *LEP* не установлено (таблица 16).

Таблица 16 – Продуктивность коров симментальской породы с учётом генотипов гена *LEP*

Показатель	Генотип	
	LEP^{CC}	LEP^{CT}
Первая лактация		
n	61	24
Удой, кг	6695,2 ± 160,2	6600,9 ± 262,3
Жир, %	4,16 ± 0,01	4,18 ± 0,01
Жир, кг	278,8 ± 6,7	275,8 ± 10,8
Белок, %	3,22 ± 0,00	3,22 ± 0,00
Белок, кг	217,1 ± 5,1	212,8 ± 8,4
Вторая лактация		
n	38	16
Удой, кг	7056,6 ± 221,1	7088,1 ± 333,8
Жир, %	4,14 ± 0,01	4,14 ±0,01
Жир, кг	292,2 ± 9,4	293,3 ± 13,9
Белок, %	3,22 ± 0,00	3,22 ± 0,00
Белок, кг	227,3 ± 7,2	228,4 ± 10,8
Третья лактация и старше		
n	57	19
Удой, кг	7632,8 ± 252,9	7987,2 ± 322,9
Жир, %	4,15 ± 0,01	4,16 ± 0,01
Жир, кг	317,3 ± 10,8	332,6 ± 13,7
Белок, %	3,22 ± 0,00	3,22 ± 0,00
Белок, кг	246,0 ± 8,2	257,5 ± 10,4

Между показателями молочной продуктивности и качественного состава молока у коров с разными генотипами гена *OLR1* не установлено значимых различий, за исключением молочного жира, который был на 32 кг выше у коров по первой лактации с генотипом $OLR1^{AC}$, в сравнении с коровами генотипа $OLR1^{AA}$ ($p < 0,05$) (таблица 17).

Таблица 17 – Продуктивность коров симментальской породы с учётом генотипов гена *OLR1*

Показатель	Генотип		
	$OLR1^{AA}$	$OLR1^{AC}$	$OLR1^{CC}$
Первая лактация			
n	3	30	53
Удой, кг	6141,7 ± 333,4	6893,2 ± 203,4	6581,0 ± 183,6

Продолжение таблицы 17

Жир, %	4,16 ± 0,04	4,17 ± 0,01	4,17 ± 0,01
Жир, кг	255,6 ± 13,5	287,6 ± 8,5	274,2 ± 7,6
Белок, %	3,22 ±0,00	3,22 ± 0,00	3,22 ± 0,00
Белок, кг	197,9 ± 10,8	222,2 ± 6,6	213,6 ± 5,8
Вторая лактация			
n	3	16	35
Удой, кг	7309,7 ± 228,3	6876,8 ± 381,2	7331,5 ± 223,4
Жир, %	4,14 ± 0,01	4,14 ± 0,01	4,13 ± 0,01
Жир, кг	302,6 ± 10,2	284,9 ± 16,0	295,1 ± 9,5
Белок, %	3,22 ± 0,00	3,22 ± 0,00	3,22 ± 0,00
Белок, кг	235,6 ± 7,4	221,6 ± 12,3	229,7 ± 7,2
Третья лактация и старше			
n	3	17	56
Удой, кг	7884,3 ± 627,2	7403,5 ± 347,9	7809,1 ± 257,4
Жир, %	4,16 ± 0,02	4,17 ± 0,01	4,15 ± 0,01
Жир, кг	327,7 ± 27,4	308,7 ± 14,6	324,6 ± 11,0
Белок, %	3,22 ± 0,00	3,22 ± 0,00	3,22 ± 0,00
Белок, кг	254,0 ± 20,3	238,6 ± 11,2	251,7 ± 8,3

Ген *SCD1,* связанный с содержанием холестерина в крови коров, оказал слабое влияние на молочную продуктивность и качество молока коров по первой и второй лактации, за исключением массовой доли жира, где его более высокое содержание наблюдалось у коров по второй лактации с генотипом $SCD1^{TT}$ – 4,15%, что выше, чем у коров с генотипом $SCD1^{CC}$ на 0,03 % ($p < 0,05$) (таблица 18). При этом следует отметить, что в третьей лактации и старше коровы с генотипом $SCD1^{TT}$ превосходили сверстниц с альтернативными генотипами по удою на 1271,9 –1349,7кг ($p < 0,05$), по массовой доле жира на 0,03 и 0,04 % ($p < 0,05$), молочного жира на 78,1 – 74,5 кг ($p < 0,01$), молочного белка на 41,0 -43,6 кг ($p < 0,05$).

Таблица 18 – Продуктивность коров симментальской породы с учётом генотипов гена *SCD1*

Показатель	Генотип		
	$SCD1^{CC}$	$SCD1^{TC}$	$SCD1^{TT}$
Первая лактация			
n	26	42	18
Удой, кг	6531,5 ± 229,4	6690,1 ± 216,7	6844,9 ± 229,6

Продолжение таблицы 18

Жир, %	4,17 ± 0,01	4,17 ± 0,01	4,17 ± 0,01
Жир, кг	272,4 ± 9,7	278,6 ± 8,9	285,7 ± 9,7
Белок, %	3,22 ± 0,00	3,22 ± 0,00	3,22 ± 0,00
Белок, кг	213,7 ± 6,9	215,5 ± 7,0	220,6 ± 7,4
Вторая лактация			
n	16	27	11
Удой, кг	7213,1 ± 339,3	6853,7 ± 250,6	7372,8 ± 438,5
Жир, %	4,12 ± 0,01	4,14 ± 0,01	4,15 ± 0,01
Жир, кг	298,0 ± 14,5	283,6 ± 10,4	306,5 ± 18,8
Белок, %	3,22 ± 0,00	3,22 ± 0,00	3,22 ± 0,00
Белок, кг	232,2 ± 11,0	220,8 ± 8,1	237,6 ± 14,1
Третья лактация и старше			
	25	36	15
Удой, кг	7507,2 ± 355,7	7429,4 ± 280,2	8779,1 ± 467,1
Жир, %	4,15 ± 0,01	4,14 ± 0,01	4,18 ± 0,01
Жир, кг	312,0 ± 14,9	308,4 ± 12,1	366,9 ± 19,6
Белок, %	3,22 ± 0,00	3,22 ± 0,00	3,22 ± 0,00
Белок, кг	242,0 ± 11,5	239,4 ± 9,0	283,0 ± 15,0

При анализе ассоциативных связей гена *Pit1* с основными хозяйственно-ценными признаками получены неоднозначные результаты по лактациям (таблица 25). По первой лактации более высокий удой и наблюдался у коров с генотипом $Pit1^{BB}$ – 6931,9 кг, что выше, чем у первотёлок с генотипом $Pit1^{AB}$ на 716,8 кг ($p < 0,05$). Содержание молочного жира также было выше у этих животных на 30,2 кг ($p < 0,05$). Кроме того, отмечено более высокое содержание молочного белка у первотёлок с генотипом $Pit1^{BB}$ на 21,0 кг, чем у сверстниц с генотипом $Pit1^{AB}$ ($p < 0,05$).

Таблица 19 – Продуктивность коров симментальской породы с учётом генотипов гена *Pit1*

Показатель	Генотип		
	$Pit1^{AA}$	$Pit1^{AB}$	$Pit1^{BB}$
Первая лактация			
n	5	31	50
Удой, кг	6949,8 ± 334,5	6215,1 ± 231,2	6931,9 ± 169,1

Продолжение таблицы 19

Жир, %	4,18 ± 0,02	4,16 ± 0,01	4,17 ± 0,01
Жир, кг	290,6 ± 14,5	258,8 ± 9,6	289,0 ± 7,0
Белок, %	3,22 ± 0,00	3,22 ± 0,00	3,22 ± 0,00
Белок, кг	223,9 ± 10,8	202,4 ± 7,4	223,4 ± 5,4
Вторая лактация			
n	4	22	28
Удой, кг	7795,0 ± 443,1	6735,5 ± 256,3	7221,4 ± 275,9
Жир, %	4,18 ± 0,02	4,12 ± 0,01	4,14 ± 0,01
Жир, кг	325,8 ± 19,4	277,9 ± 10,8	299,2 ± 11,6
Белок, %	3,22 ± 0,00	3,22 ± 0,00	3,22 ± 0,00
Белок, кг	251,2 ± 14,4	216,9 ± 8,3	232,7 ± 8,9
Третья лактация и старше			
n	5	45	26
Удой, кг	9694,4 ± 642,0	7242,6 ± 236,3	8170,6 ±367,5
Жир, %	4,20 ± 0,01	4,14 ± 0,01	4,18 ± 0,00
Жир, кг	406,7 ± 26,3	300,0 ± 10,1	341,3 ± 15,4
Белок, %	3,23 ± 0,00	3,22 ± 0,00	3,22 ± 0,00
Белок, кг	312,6 ± 20,6	233,4 ± 7,6	263,4 ± 11,8

По второй и третьей лактации приоритетным генотипом стал гомозиготный вариант этого гена $Pit1^{AA}$, превосходящий удой коров с гетерозиготным генотипом $Pit1^{AB}$ на 1059,5 кг ($p < 0,05$). Превышение над гетерозиготами этого гена также отмечено у коров по массовой доле жира на 0,06 %, молочного жира на 47,9 кг, и молочного белка на 34,3 кг ($p < 0,05$).

В третьей лактации установленная зависимость сохранилась. Коровы с генотипом $Pit1^{AA}$ имели более высокие показатели по всем учтённым признакам в сравнении с гетерозиготами $Pit1^{AB}$. Так по удою превосходство было на уровне 2451,8 кг, массовой доле жира на 0,06%, молочному жиру на 106,7 кг, массовой доле белка на 0,01 %, и молочному белку на 79,2 кг ($p < 0,001$). Также установлено превышение по этим показателям коров с генотипом $Pit1^{BB}$ над $Pit1^{AB}$: по удою на 928,0 кг, молочного жира на 41,3 кг, молочного белка на 30 кг ($p < 0,05$).

В настоящих исследованиях установлено влияние некоторых генотипов на воспроизводительные качества коров симментальской породы (таблица 20). Так, более короткий сухостойный период 45 дней был у коров после первой лактации с

генотипом *CSN3*^{BB}, что меньше, чем у животных с альтернативными генотипами на 13,8 – 14,7 дней (p <0,05). Самый не продолжительный сервис-период после третьей лактации был отмечен также у коров с *CSN3*^{BB} генотипом – 81,6 дней, напротив, более длинный сервис-период был у гетерозигот – 124,6 дней, разница 43 дня достигает порога достоверности (p <0,05).

Таблица 20 – Воспроизводительные качества коров в зависимости от генотипов генов *CSN3, BLG, LEP, OLR1, SCD1, Pit1*

Генотип	Сухостойный период, дни		Сервис-период, дни		
	2 лактация	3 лактация и старше	1 лактация	2 лактация	3 лактация и старше
CSN3^{AA}	59,7 ± 2,3	60,6 ± 1,4	92,9 ± 7,4	102,8 ± 12,1	99,7 ± 9,7
CSN3^{AB}	58,8 ± 1,0	63,1 ± 1,2	107,0 ± 8,9	103,4 ± 9,8	124,6 ± 14,5
CSN3^{BB}	45,0 ± 6,9	64,7 ± 1,9	88,9 ± 14,3	88,2 ± 21,5	81,6 ± 10,7
BLG^{AA}	58,6 ± 2,1	62,0 ± 1,7	96,6 ± 8,1	103,3 ± 12,3	113,4 ± 18,9
BLG^{AB}	58,3 ± 1,5	62,8 ± 1,1	107,2 ± 8,7	95,6 ± 10,5	102,2 ± 7,6
BLG^{BB}	57,7 ± 5,3	61,5 ± 2,1	75,0 ± 8,0	115,9 ± 19,6	104,4 ± 15,9
LEP^{CC}	58,6 ± 1,5	62,5 ± 1,1	103,5 ± 6,8	104,6 ± 9,4	98,4 ± 6,4
LEP^{CT}	57,7 ± 2,3	61,4 ± 1,5	89,3 ± 8,6	97,2 ± 12,4	127,0 ±21,9
OLR1^{AA}	59,7 ± 3,8	62,0 ± 2,2	93,8 ± 7,9	83,5 ± 39,5	117,4 ± 19,4
OLR1^{AC}	55,6 ± 2,1	61,6 ± 1,5	99,9 ± 10,9	99,0 ± 12,1	113,2 ± 14,4
OLR1^{CC}	59,9 ± 1,6	62,5 ± 1,1	98,7 ± 6,4	104,3 ± 9,7	101,8 ± 9,0
SCD1^{CC}	61,3 ± 2,8	61,8 ± 1,4	88,3 ± 8,2	109,6 ± 15,5	92,7 ± 9,1
SCD1^{CT}	57,8 ± 1,6	61,8 ± 1,4	103,1 ± 8,0	100,8 ± 10,5	119,0 ± 12,3
SCD1^{TT}	55,6 ± 2,5	64,2 ± 1,7	104,0 ± 13,5	93,5 ± 12,7	88,7 ± 10,6
Pit1^{AA}	57,8 ± 1,3	67,6 ± 3,1	119,6 ± 25,6	108,5 ± 29,3	73,8 ± 8,6
Pit1^{AB}	59,2 ± 2,8	62,9 ± 1,4	89,0 ± 8,6	109,0 ±13,1	101,8 ± 9,4
Pit1^{BB}	57,8 ± 1,27	60,5 ± 0,9	103,1 ± 7,2	96,6 ± 9,4	116,0 ± 13,1

У коров с генотипом *BLG*^{AB} после первой лактации был самый продолжительный сервис-период – 107,2 дня, что выше, чем у животных с генотипом *BLG*^{BB} на 32,2 дня (p <0,01). Вариативность по сухостойному периоду отмечена у коров с разными генотипами *Pit1*. Так, менее продолжительный сухостойный период отмечен у коров с генотипом *Pit1*^{BB} – 60,5 дней, против 67,6 дней у коров с генотипом *Pit1*^{AA} (p <0,05). В то же время, сервис период по третьей лактации и старше, наоборот был самый короткий у коров с генотипом *Pit1*^{AA} – 73,8 дней, тогда как с *Pit1*^{BB} он находился на уровне 116 дней, несколько меньше – 101,8 у гетерозигот по этому гену. Различие составляет 28-42,2 дня (p <0,05, p <0,01).

3.3.2 Связь генотипов с молочной продуктивностью и воспроизводительными качествами коров красной степной породы

Аналогичные исследования по изучению связей генотипов с продуктивностью проведены на коровах красной степной породы. Анализ ассоциативной связи генотипов гена *CSN3* с молочной продуктивностью по трём лактациям не позволил выявить существенных различий между коровами с разными генотипами ни по одному из учтённых признаков (таблица 21). Удой по первой лактации находится на уровне 4978,8-5243,9, в третьей лактации и старше возрастает до 6434,0 кг (генотип $CSN3^{AA}$).

Таблица 21 – Продуктивность коров красной степной породы с учётом генотипов гена *CSN3*

Показатель	Генотип		
	$CSN3^{AA}$	$CSN3^{AB}$	$CSN3^{BB}$
Первая лактация			
n	38	43	13
Удой, кг	4978,8 ± 126,1	5194,6 ± 175,0	5243,9 ± 310,7
Жир, %	4,32 ± 0,02	4,33 ± 0,02	4,36 ± 0,05
Белок, %	3,35 ± 0,03	3,35 ± 0,03	3,33 ± 0,06
Вторая лактация			
n	33	33	11
Удой, кг	5846,8 ± 166,1	5716,1 ± 180,2	5511,5 ± 166,9
Жир, %	4,38 ± 0,02	4,39 ± 0,02	4,33 ± 0,04
Белок, %	3,48 ± 0,02	3,42 ± 0,03	3,43 ± 0,04
Третья лактация и старше			
n	43	49	15
Удой, кг	6434,0 ± 230,6	6520,4 ± 161,2	6298,7 ± 306,3
Жир, %	4,41 ± 0,02	4,40 ± 0,02	4,42 ± 0,04
Белок, %	3,50 ± 0,02	3,50 ± 0,02	3,51 ± 0,04

При анализе ассоциативных связей генотипов гена *LEP* с удоем и качественными показателями жира и белка достоверных различий не установлено, за исключением содержания массовой доли жира по первой лактации (таблица 22). Молоко коров с генотипом LEP^{TT} отличалось более высоким содержанием массовой доли

жира на 0,07 % и 0,06 %, по сравнению с генотипами LEP^{CC} и LEP^{CT}соответственно (p <0,05). По другим лактациям различия были не существенные.

Таблица 22 – Продуктивность коров с разными генотипами гена *LEP* за 305 дней лактации

Показатель	Генотип		
	LEP^{CC}	LEP^{CT}	LEP^{TT}
Первая лактация			
n	28	42	24
Удой, кг	5107,5 ± 186,8	5008,8 ± 160,1	5306,5 ± 199,8
Жир, %	4,32 ± 0,02	4,31 ± 0,02	4,38 ± 0,02
Белок, %	3,33 ± 0,04	3,33 ± 0,03	3,41 ± 0,03
Вторая лактация			
n	22	35	20
Удой, кг	5619,9 ± 157,3	5598,2 ± 159,4	6126,4 ± 233,9
Жир, %	4,36 ± 0,03	4,38 ± 0,02	4,39 ± 0,03
Белок, %	3,44 ± 0,03	3,41 ± 0,03	3,52 ± 0,03
Третья лактация и старше			
n	34	56	17
Удой, кг	6423,1 ± 214,1	6406,8 ± 179,4	6675,1 ± 309,1
Жир, %	4,41 ± 0,02	4,40 ± 0,02	4,42 ± 0,02
Белок, %	3,52 ± 0,02	3,48 ± 0,02	3,52 ± 0,03

Среди коров с разными генотипами гена *TNF-α-824* более высоким удоем по первой лактации на 1002,3 кг отличались животные с генотипом $TNF\text{-}\alpha\text{-}824^{AA}$, по сравнению с генотипом $TNF\text{-}\alpha\text{-}824^{GG}$ (p <0,01) (таблица 23). Кроме того, эти же животные с генотипом $TNF\text{-}\alpha\text{-}824^{GG}$ отличаются пониженным содержанием массовой доли жира – 4,28, что на 0,1 % ниже по сравнению с гомозиготным генотипом $TNF\text{-}\alpha\text{-}824^{AA}$ (p <0,01). Приоритетным генотипом по содержанию массовой доли белка является генотип $TNF\text{-}\alpha\text{-}824^{AA}$, различия этого показателя по первой лактации с коровами генотипом $TNF\text{-}\alpha\text{-}824^{GG}$ составляет 0,21 % (p<0,001), с генотипом $TNF\text{-}\alpha\text{-}824^{AG}$ – 0,18 % (p<0,01).

По второй лактации приоритетных генотипов по удою и массовой доли жира не выявлено. Содержание белка в молоке было выше у коров с генотипом $TNF\text{-}\alpha\text{-}824^{AG}$ на 0,1% и 0,09 %, чем у коров с генотипами $TNF\text{-}\alpha\text{-}824^{AA}$ и $TNF\text{-}\alpha\text{-}824^{GG}$ соот-

в

е

т

с

По третьей лактации и старше существенных различий в учтённых показателях коров с разными генотипами не установлено.

Таблица 23 – Продуктивность коров красной степной породы с учётом генотипов гена *TNF-α-824*

Показатель	Генотип		
	TNF-α-824^{AA}	*TNF-α-824^{AG}*	*TNF-α-824^{GG}*
Первая лактация			
n	15	44	35
Удой, кг	5717,8 ± 278,4	5321,6 ± 701,6	4715,5 ± 157,7
Жир, %	4,38 ± 0,03	4,36 ± 0,03	4,28 ± 0,02
Белок, %	3,46 ± 0,05	3,43 ± 0,06	3,25 ± 0,03
Вторая лактация			
n	10	37	30
Удой, кг	5904,4 ± 436,7	5938,9 ± 149,6	5453,5 ± 142,50
Жир, %	4,35 ± 0,02	4,38 ± 0,02	4,39 ± 0,03
Белок, %	3,39 ± 0,03	3,49 ± 0,03	3,40 ± 0,02
Третья лактация и старше			
n	8	41	58
Удой, кг	6231,5 ± 395,7	6304,5 ± 222,1	6591,5 ± 160,7
Жир, %	4,34 ± 0,05	4,40 ± 0,02	4,42 ± 0,02
Белок, %	3,45 ± 0,06	3,49 ± 0,02	3,51 ± 0,02

Неоднозначные результаты получены при анализе связи генотипов гена *SCD1* с молочной продуктивностью (таблица 24). По первой лактации существенных различий по продуктивности у коров с разными генотипами не выявлено. По второй лактации коровы с генотипом *SCD1^{CC}* отличались более высоким удоем на 451,8 кг, чем животные с генотипом *SCD1^{TT}* ($p<0,01$). В третьей лактации и старше, тенденция к лучшему удою была у коров с генотипом *SCD1^{TT}* (7064,8), в сравнении *SCD1^{CT}* на 784,8 кг ($p<0,05$). По другим показателям достоверных различий не выявлено.

Таблица 24 – Продуктивность коров красной степной породы учётом генотипов гена *SCD1*

Показатель	Генотип		
	SCD1^{CC}	*SCD1^{CT}*	*SCD1^{TT}*
Первая лактация			
n	64	26	4
Удой, кг	5247,5 ± 125,4	4799,5 ± 200,9	5026,8 ± 212,0
Жир, %	4,34 ± 0,02	4,29 ± 0,03	4,34 ± 0,07

Продолжение таблицы 24

Белок, %	3,37 ± 0,02	3,30 ± 0,03	3,34 ± 0,09
Вторая лактация			
n	49	23	4
Удой, кг	5811,3 ± 134,0	5664,9 ± 208,6	5359,5 ± 123,5
Жир, %	4,38 ± 0,02	4,39 ± 0,03	4,30 ± 0,04
Белок, %	3,46 ± 0,02	3,42 ± 0,03	3,50 ± 0,03
Третья лактация и старше			
n	63	40	4
Удой, кг	6526,7 ± 151,8	6280,0 ± 231,4	7064,8 ± 272,6
Жир, %	4,40 ± 0,01	4,41 ± 0,02	4,43 ± 0,06
Белок, %	3,51 ± 0,02	3,48 ± 0,03	3,57 ± 0,07

При анализе связи генотипов гена *Pit1* с молочной продуктивностью существенных различий не выявлено, за исключением содержания массой доли жира и белка по третьей лактации и старше (таблица 25). У коров с гетерозиготным генотипом $Pit1^{AB}$ содержание массовой доли жира и белка было выше на 0,07% и 0,09 % соответственно, по сравнению с генотипом $Pit1^{BB}$ ($p<0,05$; $p<0,01$).

Таблица 25 – Продуктивность коров красной степной породы учётом генотипов гена *Pit1*

Показатель	Генотип		
	$Pit1^{AA}$	$Pit1^{AB}$	$Pit1^{BB}$
Первая лактация			
n	6	27	61
Удой, кг	5049,3 ± 501,6	5283,6 ± 208,1	5045,6 ± 122,4
Жир, %	4,36 ± 0,04	4,35 ± 0,02	4,32 ± 0,02
Белок, %	3,42 ± 0,07	3,38 ± 0,04	3,33 ± 0,02
Вторая лактация			
n	5	21	50
Удой, кг	6375,2 ± 565,8	5808,2 ± 169,2	5652,7 ± 134,7
Жир, %	4,40 ± 0,05	4,40 ± 0,03	4,37 ± 0,02
Белок, %	3,52 ± 0,04	3,48 ± 0,02	3,43 ± 0,02
Третья лактация и старше			
n	5	24	78
Удой, кг	6895,4 ± 482,1	6956,2 ± 255,5	6272,0 ± 145,5
Жир, %	4,44 ± 0,03	4,46 ± 0,02	4,39 ± 0,01
Белок, %	3,53 ± 0,04	3,57 ± 0,02	3,48 ± 0,02

Воспроизводительные способности коров красной степной породы изучены по показателям возраста первого осеменения и длительности сервис-периода, оптимальность которых косвенно свидетельствует о физиологическом здоровье животных и благоприятных условиях кормления и содержания.

Исследования показали, что возраст первого осеменения находится в пределах 897-949 дней. Различий этого показателя у животных с разными генотипами генов *LALBA, LEP, TNF-A-824, SCD1, Pit1* не установлено (таблица 26).

Таблица 26 – Воспроизводительные качества коров с генотипами генов *CSN3, LEP, TNF-A-824, SCD1, Pit1*

Генотип	Возраст первого отёла, дн.	Сервис-период, дн.		
		1 лактация	2 лактация	3 и старше лактация
$CSN3^{AA}$	916,0 ± 20,6	116,3 ± 11,3	104,9 ± 10,0	106,0 ± 9,5
$CSN3^{AB}$	946,2 ± 19,9	143,0 ± 13,0	102,7 ± 9,5	113,5 ± 8,7
$CSN3^{BB}$	925,5 ± 26,4	139,1 ± 23,0	117,8 ± 19,5	116,9 ± 16,6
LEP^{CC}	942,0 ± 25,0	149,5 ± 17,3	123,6 ± 14,5	104,5 ± 11,4
LEP^{CT}	941,1 ± 21,1	124,3 ± 10,3	103,5 ± 9,5	111,8 ± 8,8
LEP^{TT}	900,8 ± 17,4	123,7 ± 17,2	88,9 ± 7,7	117,3 ± 11,1
$TNF\text{-}A\text{-}824^{AA}$	944,0 ± 41,3	117,9 ± 16,5	87,2 ± 6,7	162,2 ± 25,8
$TNF\text{-}A\text{-}824^{AG}$	916,0 ± 19,9	122,9 ± 12,7	117,1 ± 9,8	106,1 ± 8,3
$TNF\text{-}A\text{-}824^{GG}$	944,6 ± 16,2	148,5 ± 13,2	98,5 ± 11,4	105,7 ± 8,4
$SCD1^{CC}$	925,5 ± 16,0	136,1 ± 11,0	110,3 ± 8,4	115,1 ± 7,3
$SCD1^{CT}$	949,4 ± 23,9	117,3 ± 10,3	90,2 ± 7,0	101,2 ± 10,8
$SCD1^{TT}$	902,2 ± 38,6	154,2 ± 41,9	137,2 ± 56,0	137,8 ± 23,6
$Pit1^{AA}$	897,7 ± 32,7	149,0 ± 38,1	72,2 ± 10,8	97,8 ± 20,5
$Pit1^{AB}$	913,9 ± 21,1	121,6 ± 14,6	100,6 ± 7,8	114,9 ± 14,3
$Pit1^{BB}$	942,0 ± 17,1	134,4 ± 10,3	111,2 ± 9,2	110,6 ± 6,8

3.4 Сыропригодность и качественный состав молока

Среди молочных продуктов сыр занимает особое место. Пищевая ценность сыра обусловлена высокой концентрацией в нем белков, жиров, незаменимых аминокислот, солей кальция и фосфора. Качество и количество получаемого сыра напрямую зависит от химического состава, органолептических, технологических и

биологических свойств молока, используемого в сыроделии. Контроль физико-химических, показателей молока позволяет стабильно получать продукцию высокого качества.

Исследования по изучению качества молока были проведены на стадах коров симментальской и красной степной породы (рисунок 6) В среднем в молоке коров стада симменталов (Ch) белка содержится больше на 0,14 %, по сравнению с симменталами, улучшенными быками австрийской и немецкой селекции. По остальным показателям разница несущественная.

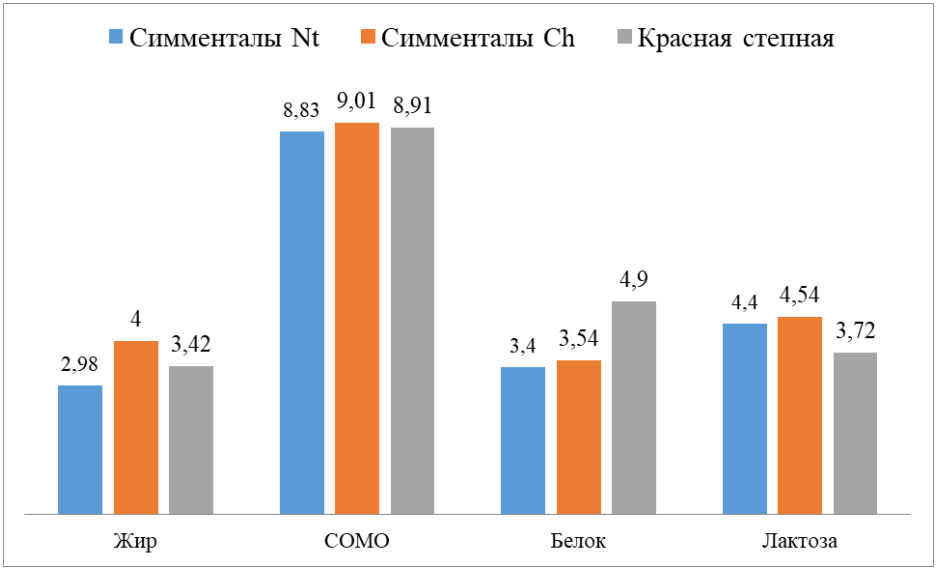


Рисунок 6 – Качественный состав молока разных пород крупного рогатого скота

Одним из основных показателей пригодности молока для производства сыра является его способность свертываться под действием сычужного фермента с образованием нормальной плотности сгустка.

Симментальская порода наиболее выгодно отличается от других пород хорошей сыропригодностью молока. К наиболее информативным классическим показателям сыропригодности относится скорость свёртывания молока, которую подразделяют на 2 фазы: время коагуляции и гелеобразования. По скорости свертывания под действием сычужного фермента молоко коров двух стад относится к первой категории сыропригодности (меньше 15 минут). При этом следует отметить,

что коагуляции молока симменталов (Ch) происходит быстрее на 4,81 мин., гелеобразование на 3,13 мин., чем молоко коров стада симменталов (Nt). ($p< 0,001$; $p< 0,01$) (таблица 27).

Таблица 27 – Показатели сычужной пробы молока в стадах симментальской породы

Количество проведенных проб	n	Время коагуляции, мин.	Гелеобразование, мин.	Объём сыворотки, мл
Симменталы (Ch)	83	9,47±0,73	12,79±0,72	1,67±0,19
Симменталы (Nt)	86	14,28±1,04	15,92±0,96	6,06±0,24

Сопоставляя полученные нами данные с литературными, можно отметить, что молоко симментальской породы свёртывается быстрее, чем молоко других пород. Этот показатель у голштинской породы составляет 20-25 мин. Более ранними нашими исследованиями установлено, что лучшее по сыропригодности молоко у коров симментальской породы с генотипом $CSN3^{BB}$, которое образовывало плотный сгусток за 6,27 мин., тогда как молоко красной степной породы с этим генотипом за 10,08 мин.

На рисунке 7 представлена сычужно- бродильная проба молока разных стад. Молоко стада (Ch) (а) имеет лучшую свёртываемость, чем молоко стада (Nt) (б), где отчётливо видно творожный сгусток сверху.



а) б)

Рисунок 7 – а) сычужно-бродильная проба симменталов (Ch), б) сычужно-бродильная проба симменталов (Nt)

Ген каппа казеина (*CSN3*) является одним из ключевых генетических маркеров, определяющих технологические свойства молока, в том числе его сыропригодность. Полиморфизм этого гена влияет на содержание белка, скорость и качество сычужного свёртывания, плотность сгустка и выход сыра.

Учитывая это, была проведена сравнительная оценка молока коров разных пород с учётом генотипов гена *CSN3* (рисунок 8, 9). Сравнительная оценка молока коров стада симментальской породы с разными генотипами показала, что по объёму выделившейся сыворотки молоко практически не отличалось (0,90-0,92 мл). Алкогольная проба свидетельствовала о хорошем качестве молока всех генотипов (77,7-78,5%). В то же время фаза коагуляции молока была несколько длиннее у коров с генотипом $CSN3^{AA}$ – 3,51 против 3,18 мин. у животных с генотипом $CSN3^{BB}$. Соответственно, удлинилась и общая продолжительность свёртывания молока коров с генотипом $CSN3^{AA}$ на 0,57 мин., в сравнении с генотипом $CSN3^{BB}$.

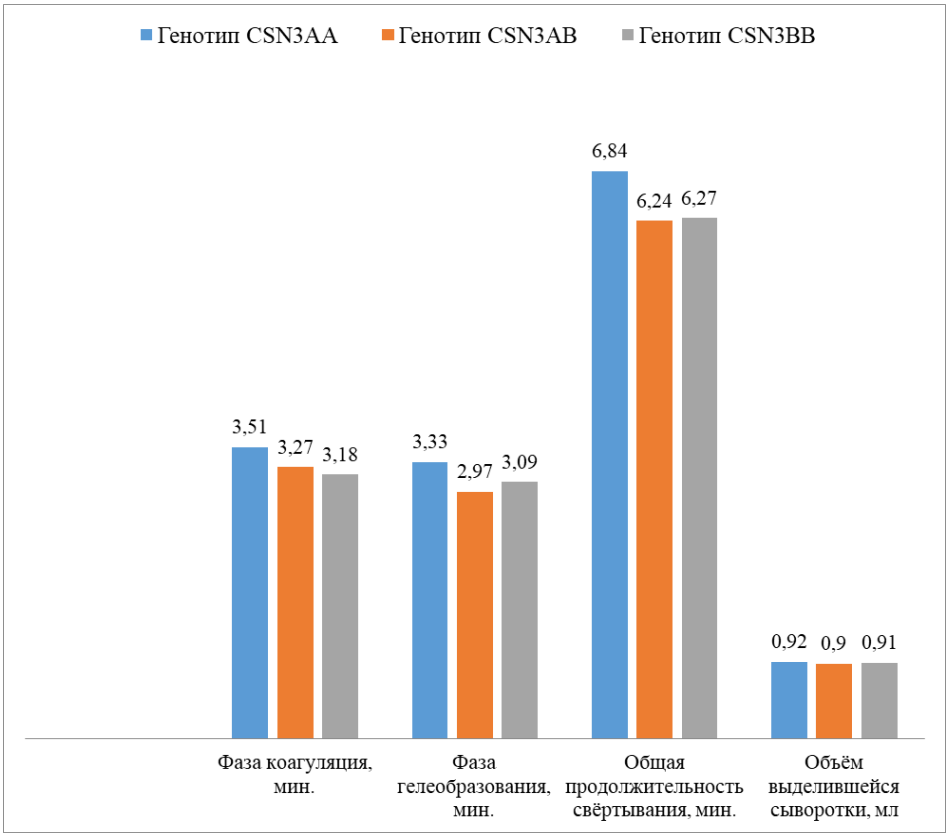


Рисунок 8 – Характеристика сыропригодности молока коров симментальской породы с различными генотипами гена CSN3

Все показатели сыропригодности коров красной степной породы ниже, чем аналогичные у коров симментальской породы. Так, фаза коагуляции молока этих коров длится от 3,76 (генотип $CSN3^{BB}$) до 4,18 мин. (генотип $CSN3^{AA}$). Фаза гелеобразования и общая продолжительность свёртывания молока почти в 2 раза длиннее в красной степной породе, а объём выделившейся сыворотки в 2 раза меньше, чем в симментальской породе. Однако следует отметить тенденцию улучшения сыропригодности молока в зависимости от наличия аллеля $CSN3^{B}$.

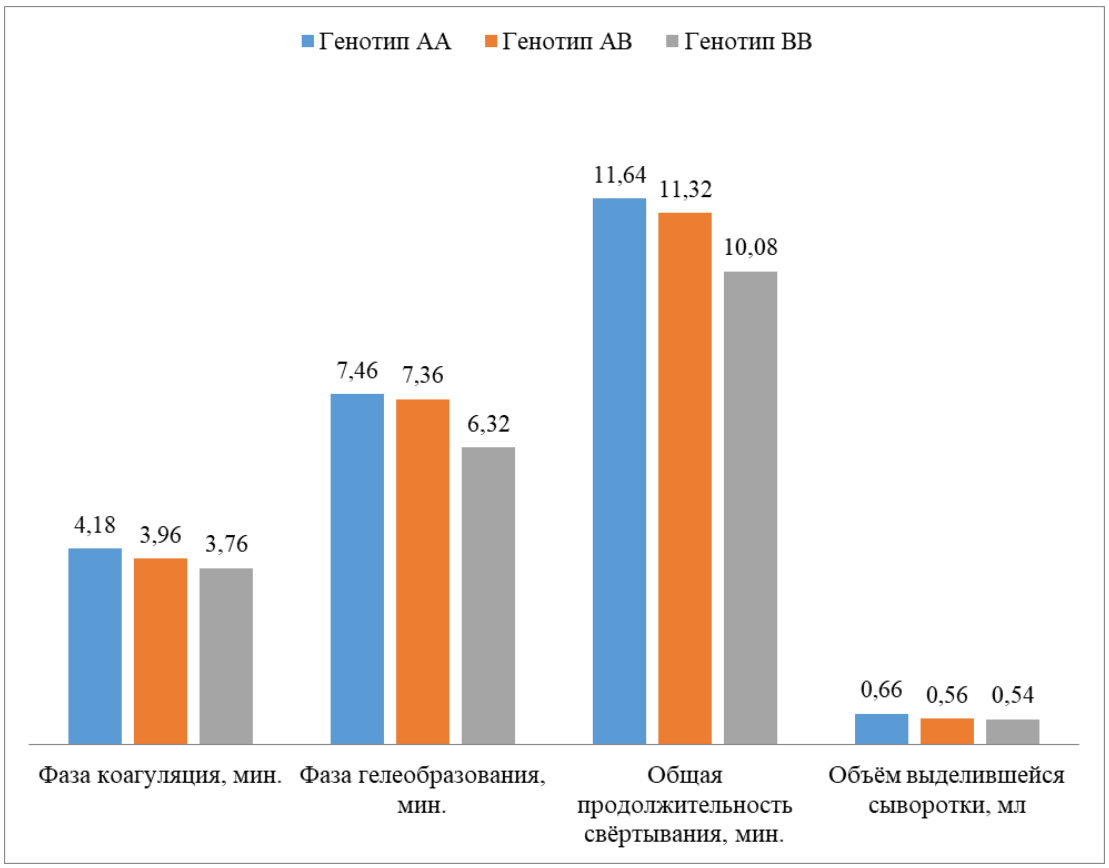


Рисунок 9 – Характеристика сыропригодности молока коров красной степной породы с различными генотипами гена каппа казеина

Таким образом, анализ сопряжённости некоторых генотипов с молочной продуктивностью, позволил выявить наиболее желательный генотип $CSN3^{BB}$, оказывающий влияние на формирование удоев и содержания белка в молоке и сыропригодность.

3.5 Связь генотипов с биохимическим статусом коров

Молочная продуктивность, особенно пожизненный удой, зависит от генетического потенциала и в немалой степени от здоровья самой коровы. Учитывая то обстоятельство, что показатели резистентности животных варьируют в сильной степени от внешних факторов: условий содержания, кормления, но имеют генетическую компоненту, нами предприняты исследования по выявлению генотипов, наиболее предпочтительных в создавшихся условиях. При анализе всех генотипов,

связанных с показателями метоболического процесса в организме, обращает внимание ген *TNF-α*^{AA} (фактор некроза опухоли), животные с этим генотипом, при увеличении поголовья, возможно, будут иметь некоторые различия в показателях общего содержания альбуминов, глобулинов, и фракции α-глобулинов (таблица 28). Полученные данные требуют дальнейшего уточнения при увеличении поголовья исследуемых коров.

Таблица 28 – Биохимические показатели крови коров симментальской породы с генотипами *CSN3, TNF-α, LEP, Pit-1, SCD1* генов

Генотип	n	Общий белок, г/л	Альбумины, г/л	Глобулины, г/л	α-глобулин, г/л	β-глобулины, г/л	γ-глобулины, г/л
CSN3^{AA}	14	93,86±1,20	26,90±1,30	66,96±1,26	6,33±0,83	7,90±0,82	52,37±1,41
CSN3^{AB}	14	94,05±1,44	25,10±1,42	68,95±1,40	5,90±0,94	8,04±0,91	55,01±1,49
CSN3^{BB}	2	94,04±1,14	26,75±1,21	67,29±1,19	6,22±0,75	8,58±0,97	52,49±1,39
TNF-α^{AA}	2	93,89±2,90	30,34±2,31	63,56±3,37	3,47±1,59	8,17±2,49	51,91±3,2
TNF-α^{GA}	10	93,66±1,29	25,45±1,27	68,21±1,30	5,81±0,86	8,10±0,79	54,29±1,39
TNF-α^{GG}	18	93,82±1,19	27,48±1,31	66,82±1,24	6,23±0,83	8,49±1,08	52,10±1,50
LEP^{CC}	17	94,25±1,16	26,83±1,25	67,42±1,22	6,26±0,78	8,59±1,01	52,57±1,44
LEP^{CT}	13	93,72±1,13	26,55±1,24	67,17±1,23	6,25±0,78	7,94±0,76	52,98±1,35
Pit-1^{AA}	4	95,86±1,17	29,37±1,61	66,49±1,52	6,89±1,08	9,79±1,43	49,81±1,65
Pit-1^{AB}	12	93,72±1,13	25,55±1,24	67,17±1,23	6,25±0,78	7,94±0,76	52,98±1,35
Pit-1^{BB}	14	93,1±1,13	26,55±1,24	67,16±1,23	6,24±0,78	7,93±0,76	52,97±1,35
SCD1^{CC}	14	93,72±1,13	26,55±1,24	67,17±1,23	6,25±0,78	7,94±0,76	52,98±1,35
SCD1^{CT}	12	93,98±1,20	26,55±1,33	67,43±1,31	6,24±0,84	7,69±0,78	53,50±1,38
SCD1^{TT}	3	94,20±1,20	27,10±1,27	67,10±1,22	6,30±0,81	8,58±1,04	52,22±1,45

Аналогичные исследования проведены на коровах красной степной породы (таблица 29). Анализ биохимического статуса коров красной степной породы не позволил выявить приоритетных генотипов ни по одному из анализируемых параметров. По некоторым генам различия можно определить, как тенденцию, что требует дальнейших исследований.

Таблица 29 –Биохимические показатели крови красной степной породы с учётом *CSN3, TNF-α, LEP, Pit-1, SCD1* генов

Генотип	n	Общий белок, г/л	Альбумины, г/л	Глобулин, г/л	α-глобулины, г/л	β-глобулины, г/л	γ-глобулины, г/л
$CSN3^{AA}$	41	70,04±0,59	25,13±0,58	44,91±0,71	7,10±0,42	5,52±0,35	32,28±0,67
$CSN3^{AB}$	44	69,80±0,59	25,05±0,56	44,74±0,69	6,99±0,41	5,45±0,33	32,29±0,65
$CSN3^{BB}$	15	69,72±0,57	25,33±0,56	44,38±0,71	7,00±0,40	5,30±0,34	32,07±0,65
LEP^{CC}	31	70,07±0,60	24,88±0,57	45,19±0,70	7,13±0,43	5,69±0,35	32,35±0,67
LEP^{CT}	45	69,47±0,58	25,22±0,55	44,24±0,68	6,87±0,39	5,32±0,32	32,05±0,63
LEP^{TT}	24	69,70±0,59	25,07±0,56	44,63±0,69	6,92±0,41	5,39±0,34	32,31±0,64
$TNF\text{-}\alpha^{AA}$	15	69,47±0,59	25,24±0,56	44,22±0,70	6,93±0,39	5,34±0,33	31,96±0,64
$TNF\text{-}\alpha^{GA}$	49	69,67±0,58	25,07±0,55	44,60±0,68	6,91±0,40	5,36±0,33	32,32±0,63
$TNF\text{-}\alpha^{GG}$	18	69,81±0,57	25,35±0,57	44,46±0,72	7,03±0,41	5,30±0,34	32,12±0,66
$Pit\text{-}1^{AA}$	7	70,35±0,59	25,28±0,62	45,06±0,74	7,16±0,45	5,47±0,36	32,43±0,69
$Pit\text{-}1^{AB}$	31	69,97±0,58	25,10±0,56	44,87±0,69	7,05±0,41	5,48±0,34	32,33±0,65
$Pit\text{-}1^{BB}$	62	69,46±0,58	25,22±0,55	44,24±0,68	6,86±0,39	5,32±0,32	32,05±0,63
$SCD1^{CC}$	66	69,51±0,57	25,22±0,55	44,28±0,68	6,91±0,39	5,31±0,32	32,06±0,63
$SCD1^{CT}$	30	69,53±0,59	25,21±0,59	44,31±0,75	6,86±0,43	5,27±0,35	32,18±0,68
$SCD1^{TT}$	4	70,05±0,64	25,16±0,65	44,88±0,81	6,47±0,43	5,80±0,39	32,60±0,77

Сравнительная оценка биохимического статуса коров, находящихся в разных условиях содержания: симментальская с длительным пребыванием на пастбище (май-октябрь), зимой – стойловое, в то время как красная степная с выгульной площадкой летом, зимой также стойловое. Сравнительная оценка биохимических показателей коров симментальской и красной степной пород показала, что содержание общего белка в крови у коров симментальской породы находится в пределах 100,27 г/л, что выше на 30,38 г/л, чем у коров красной степной породы ($p< 0,001$) (таблица 30). Содержание альбуминов к сыворотке крови симментальских коров выше на 5,01 г/л, чем у животных красной степной породы ($p< 0,001$). По содержанию глобулинов симментальская порода превосходит на 25,37 г/л красную степную ($p< 0,001$). У симменталов также отмечено более высокое содержание β-глобулинов на 2,79 г/л, γ-глобулинов на 23,41 г/л, чем в красной степной ($p< 0,001$).

Таблица 30 – Биохимические показатели коров симментальской и красной степной пород, г/л

Показатели	Симментальская, n=101	Красная степная, n=100
Общий белок	100,27±1,14	69,89±0,57
Альбумины	30,34±1,21	25,33±0,54
Глобулины	69,93±1,19	44,56±0,68
(А/Г)	0,44	0,55
α-глобулины	6,33±0,75	7,16±0,39
β-глобулины	8,59±0,97	5,80±0,32
γ-глобулины	55,01±1,39	31,60±0,63

Таким образом, по большинству учтённых показателей симментальская порода характеризуется более высоким уровнем белкового обмена, по сравнению с красной степной породой. Полученные данные результатов исследования по биохимическому статусу симментальской и красной степной породе в осенне-зимнее время с разными генотипами будут служить в дальнейшем отправной точкой для мониторинга здоровья коров, что особенно важно в период напряжённости организма при стельности и первых недель лактации после отёла.

Результаты исследований изложенные в разделе 3-3.7 получены соискателем лично и опубликованы в статьях, указанных в библиографическом списке под номерами 3,4,5,6,7,31,32,33.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

В результате проведённых исследований с применением SNP и STR маркёров получены экспериментальные данные по генетической структуре, популяционно-генетической характеристике, ассоциативным связям продуктивности, воспроизводительным качествам, резистентности и сыропригодности, симментальской и красной степной пород Западной Сибири и сделаны следующие выводы:

1. Симментальская и красная степная порода по частоте генотипов и аллелей генов *CSN3, BLG, LEP, TNF-A, SCD1, OLR1* имеют сходство, обусловленное одним направлением продуктивности и различие, связанное с породной принадлежностью и особенностями селекции в отдельных стадах. Симментальская порода (St) характеризуется высокой частотой генотипов BLG^{AA} – 38,5 %, генотипа LEP^{CC} – 77,1 % и низкой BLG^{BB} – 14,7,7 % и $SCD1^{CC}$ – 27,5 %. Генотипической особенностью стада симментальской породы (Ch) является более высокая частота генотипа BLG^{BB} – 48,8 %. В стаде симментальской породы (Nt) определена наиболее низкая частота генотипа $TNF\text{-}\alpha^{AA}$ – 5,0 %. Красная степная порода отличатся высоким содержанием генотипа LEP^{TT} – 24,0 %. По генам *CSN3 Pit1, OLR1* различий между стадами и породами не выявлено.

Аллельный профиль в породах и стадах имеет некоторые отличия. В симментальской породе (St) преобладающим был аллель BLG^{A}, частота которого находилась на уровне 0,619. Аллельный профиль красной степной породы отличается высокой частотой аллеля LEP^{T} – 0,465 и $SCD1^{C}$ – 0,810. Симментальская (Ch) и симментальская (Nt) характеризуются высокой частотностью аллелей гена $TNF\text{-}\alpha^{G}$ – 0,742. Высокая частота $TNF\text{-}\ \alpha^{A}$ выявлена в стаде (Ch) – 0.429. Соотношение аллелей гена *Pit1* и *OLR* имеют сопоставимые значения.

2. Генное равновесие в стадах не нарушено, χ^2 находится в пределах 0,008 – 1,183. Популяционно-генетические параметры изученных стад и пород, вычисленные на основании частот генотипов генов *CSN3, BLG, LEP, TNF-A, OLR1, SCD1, Pit1, OLR1,* находятся в одном диапазоне: Ca (58,03-60,71); Naj (1,65-1,74); V (39,90-43,20); PIC (0,370-0,420). Наблюдаемая и ожидаемая гетерозиготность по отдельным генам существенно не отличатся, недостатка или избытка гетерозигот не

наблюдается. Индекс фиксации (Fis) имеет отрицательное или слабо положительное значение, что может свидетельствовать об отсутствии инбридинга в стадах. Индекс генетического сходства между стадами симментальской породы находятся в пределах 0,908–0,968, между красной степной и стадами симментальской породы ниже – 0,801-0,885. Сложившиеся филогенетические отношения пород отражены в дендрограмме, показывающей, что стада симменталов (St) и (Nt) образуют один кластер, что соответствует их комплектации быками одного племпредприятия. Наиболее отдалённую ветвь дендрограммы занимает красная степная порода.

3. Межпородное и внутрипородное разнообразие симментальской и красной степной породы изучено по частоте аллелей 16 локусов микросателлитов. На примере трёх полиморфных систем прослежены специфические особенности часто и редко встречаемых аллелей в сравниваемых выборках. К часто встречаемым аллелям относятся: в локусе TGLA227 аллели 88,89,97, частота которых составляет 0,109-0,234, в локусе TGLA122 частота аллеля 143 находится на уровне 0,339-0,441, в локусе SPS115 аллель 248 выявлен с частотой 0,560-0,705. В каждом локусе определены редко встречаемые аллели, частота которых не превышает 0,01 или не выявленные в данной выборке.

4. В стадах и породах установлено в разной степени нарушение генного равновесия в некоторых локусах. Высоко значимые его отклонения в симментальской породе определены в локусах: TGLA227, ETH10, TGLA122, INRA023, с низкими значениями: BM2113, BM1818, TGLA53, ETH225. В красной степной породе значимые отклонения генного равновесия определены в локусах: TGLA53, ETH10, TGLA126, менее значимые: HAUT27.

Исследуемые породы и стада отличаются генетическим разнообразием по числу аллелей на локус. Минимальный показатель определён в стаде красной степной породы Stp - 7,125, что меньше, чем в других сравниваемых стадах на 2,125 - 2,313. По остальным селекционно-генетическим параметрам (Na Freq, Ne, индекс Шенона (I), He, uHe) стада и породы не отличаются. Инбридинга в стадах не наблюдается, индекс фиксации (Fis) имеет отрицательное или незначительное положительное значение. Определено количество приватных аллелей в стадах: Ch – 2; Nd

– 4. В других стадах симментальской породы и красной степной приватных аллелей не выявлено.

Рассчитаны генетические дистанции Нея на основании частот аллелей 16 микросателлитным локусам и определено генетическое расстояние между симментальской и красной степной породой на уровне 0,809-0,926. Между стадами симментальской породы оно составляет 0,903 - 0,957, стадами красной степной – 0,924. Соответственно породы образовали два кластера, внутри симментальской выделился подкластер (Nt) и (Ch), в красной – степной (Stp) и (Nd).

5. Выявлена ассоциативная связь генотипов с молочной продуктивностью коров. В симментальской породе более значимые различия наблюдались у коров по третьей лактации. Коровы с генотипами $CSN3^{AA}$ $CSN3^{AB}$ имели удой, превышающий на 1387,3-1936,8 кг этот показатель коров с генотипом $CSN3^{BB}$ ($p < 0,01$; $p < 0,001$). Значимое различие по удою имели коровы с генотипом BLG^{AA} на 1209,7 кг, в сравнении с животными с генотипом BLG^{BB} ($p < 0,05$). Также коровы с генотипом $SCD1^{TT}$ имели более высокий удой на 1271,9 – 1349,7 кг, по сравнению с альтернативными генотипами $SCD1^{TC}$ и $SCD1^{CC}$ ($p < 0,05$). Коровы с приоритетным генотипом по удою Pit^{AA} превосходили сверстниц с генотипами Pit^{AB} на 2451,8 кг ($p < 0,001$).

По содержанию общего жира в молоке коровы с генотипами $CSN3^{AA}$, $CSN3^{AB}$, BLG^{AA}, $OLR1^{AC}$, $SCD1^{TT}$ превосходили сверстниц с другими генотипами на 42,8-83,5 кг ($p < 0,05$; $p < 0,01$; $p < 0,001$). По содержанию общего белка у коров с генотипами $CSN3^{AA}$, $CSN3^{AB}$ BLG^{AA} $SCD1^{TT}$ превышение составляло 36,4-62,5 кг ($p < 0,05$; $p < 0,01$; $p < 0,001$). Коровы с генотипом $SCD1^{TT}$ характеризовались повышенным содержанием массовой доли жира на 0,03 %-0,04 %, в сравнении с альтернативными генотипами ($p < 0,05$).

Коровы симментальской породы с генотипом $CSN3^{BB}$ характеризовались меньшей продолжительностью сухостойного периода на 13,8 – 14,7 дней и сервис-периода на 43 дня соответственно, в сравнении с другими генотипами этого гена ($p < 0,05$).

В красной степной породе установлены приоритетные генотипы по удою: *TNF-α-824^{AA}* - на 1000,2 кг, *SCD1^{TT}* на 784,8 кг, в сравнении с альтернативными генотипами *TNF-α -824^{GG}* и *SCD1^{CT}* соответственно (p <0,05). По содержанию жира желательным генотипом может быть *TNF-α -824^{AA}*, превышение над аллелем *TNF-α -824^{GG}* составляет 0,1% (p <0,01). Также более высокое содержание массовой доли жира на 0,07 % - 0,09 % отмечено у коров с генотипами *LEP^{TT}* и *Pit1^{AB}*, по сравнению с генотипами *LEP^{CC}*, *LEP^{CT}* и *Pit1^{BB}* соответственно (p <0,05; p<0,01). По содержанию белка в молоке лучшим генотипом был генотип *TNF-α -824^{AA}*, содержание белка в молоке у коров с этим составляет 3,46 %, что выше, чем у коров с альтернативными генотипами на 0,18-0,21 % (p <0,001).

Различий в показателях воспроизводительной способности у коров красной степной породы с разными генотипами не установлено.

6. Сыропригодность молока была лучше у коров симментальской и красной степной пород с генотипом *CSN3^{BB}*, но более выражена в симментальской породе. Коагуляции молока симменталов стада (Ch) происходила быстрее на 4,81 мин., гелеобразование на 3,13 мин., в сравнении с симменталами (Nt) (p< 0,001; p< 0,01). Молоко симментальской породы относится к первой категории сыропригодности, свёртываемость меньше 15 мин.

7. Сравнительная оценка биохимического статуса симментальской и красной степной пород, содержащихся в разных технологических условиях, позволила установить различие в показателях: содержание общего белка в крови у коров симментальской выше на 30,38 г/л, альбуминов на 5,01 г/л, глобулинов на 25,37 г/л, β-глобулинов на 2,79 г/л, γ-глобулинов, 23,41 г/л, чем в сыворотке крови коров красной степной породы (p< 0,001).

ПРЕДЛОЖЕНИЯ ПРОИЗВОДСТВУ

Результаты исследований могут быть использованы для совершенствования селекционно-племенной работы с симментальской и красной степной породами путём подбора быков- производителей, отбора и накопления животных с желательными генотипами, ассоциированными с молочной продуктивностью и воспроизводительными способностями животных, с конкретизацией генотипов в каждом стаде.

Проводить генотипирование по STR-маркёрам племенных животных на постоянной основе и осуществлять мониторинг селекционно-генетических параметров, с целью контроля ошибочных записей в происхождении молодняка и своевременного принятия мер по снижению гомозиготности и генетического инбридинга.

ПЕРСПЕКТИВЫ ДАЛЬНЕЙШЕЙ РАЗРАБОТКИ ТЕМЫ

В дальнейших исследованиях целесообразно продолжить поиск новых эффективных генов-маркёров и их комплексных сочетаний, связанных с селекционными признаками, качеством получаемой продукции и здоровьем животных, позволяющим повысить конкурентоспособность симментальской и красной степной пород.

СПИСОК СОКРАЩЕНИЙ И УСЛОВНЫХ ОБОЗНАЧЕНИЙ

ДНК – дезоксирибонуклеиновая кислота.

ДНК-полимераза *Taq* – фермент, катализирующий синтез полинуклеотидной цепи из отдельных нуклеотидов с использованием другой цепи в качестве матрицы и ДНК-затравки со свободной 3'-ОН-группой. Термостабильная ДНК-полимераза (сохраняет активность при 95 ºС) бактерии Thermus aquaticus. Часто применяется в методе ПЦР.

Каппа-казеин (k-казеин) – основной белок молока, на который действует сычужный фермент, вызывая его свёртывание. Является одной из фракций казеина. Количество и тип каппа-казеина в молоке в значительной мере зависит от индивидуальных особенностей животного.

ПДРФ – полиморфизм длин рестрикционных фрагментов, обусловленный возникновением или изменением в результате мутаций сайтов рестрикции.

П.н. (п.о.) – количество пар нуклеотидов (оснований), определяющее размеры молекулы нуклеиновой кислоты, гена.

Пролактин – белковый гормон, относящийся к семейству белковых гормонов, принимающих участие в инициации и поддержании лактации.

ПЦР (полимеразная цепная реакция) – метод амплификации нуклеотидных последовательностей с помощью ДНК-полимеразы в присутствии олигонуклеотидных ДНК-затравок – праймеров, комплементарных последовательностям противоположных цепей ДНК на границах амплифицируемого участка.

ЭДТА – этилендиаминтетрауксусная кислота.

***BLG* (*LGB*)** – ген бета-лактоглобулина.

CSN3 – ген каппа-казеина.

dNTPs – дезоксинуклеозидтрифосфаты.

Hae III – эндонуклеаза рестрикции из штамма *E. coli*, несущего клонированный ген *Hae III* из *Haemophilus aeguptius*.

Hind III – эндонуклеаза рестрикции из штамма *E. coli*, несущего клонированный ген *Hind III* из *Haemophilus influenza Rd*.

QTL – Quantitative Trait Loci – локусы количественных признаков.

Rsa I – эндонуклеаза рестрикции из *Rhodopseudomonas sphaeroides*.

PRL – ген пролактина.

SNP – Single nucleotide polymorphism – однонуклеотидный полиморфизм.

STR - Short Tandem Repeats - короткие тандемные повторы.

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННОЙ ЛИТЕРАТУРЫ

1. Абдельманова, А. С. Генетическое разнообразие современного и исторического бурого и палево-пёстрого скота / А. С. Абдельманова, О. И. Боронецкая, М. С. Форнара [и др.] // Достижения науки и техники АПК. – 2023. – Т. 37, № 9. – С. 39–47.

2. Абдельманова, А. С. Исследование сохранности генетических компонентов родоначальника костромской породы в современных популяциях на основании анализа микросателлитных маркеров / А. С. Абдельманова, К. Д. Чаицкая, М. С. Форнара [и др.] // Аграрная наука. – 2025. – № 12. – С. 106–115.

3. Авадани, Д. А. Генетическая структура молочных пород Западной Сибири по STR маркёрам / Д. А. Авадани, Г. М. Гончаренко, Т. С. Хорошилова [и др.] // Достижения науки и техники АПК. – 2026. – Т. 40, № 3. – С. 76–83.

4. Авадани, Д. А. Генетическая характеристика крупного рогатого скота разных пород Западной Сибири по STR-маркерам / Д. А. Авадани, Г. М. Гончаренко, Т. С. Хорошилова [и др.] // Известия Тимирязевской сельскохозяйственной академии. – 2025. – № 5. – С. 97–110.

5. Авадани, Д. А. Генотипическая структура и качество молока симментальской породы скота / Д. А. Авадани, Г. М. Гончаренко, Т. С. Хорошилова [и др.] // Молодые ученые: Современный взгляд на будущее АПК: Сборник X международной научно-практической конференции, р.п. Краснообск, 15 апреля 2025 года. – Новосибирск: Агронаука, 2025. – С. 153–156.

6. Авадани, Д. А. Полиморфизм генов CSN3, BLG, TNF-α-824, Pit-1, SCD1 и их влияние на молочную продуктивность коров чёрно-пёстрой породы / Д. А. Авадани, Г. М. Гончаренко, Т. С. Хорошилова [и др.] // Сибирский вестник сельскохозяйственной науки. – 2025. – Т. 55, № 12 (325). – С. 75–85.

7. Авадани, Д. А. Популяционно-генетическая характеристика симментальской породы разного экогенеза по генам CSN3, BLG, PRL и TNF-α / Д. А. Авадани, А. М. Шукюрова, Т. А. Кванская [и др.] // Вестник КрасГАУ. – 2023. – № 12 (201). – С. 190–198.

8. Авадани, Д. А. Сравнительная оценка генотипической структуры по генам CSN3, LALBA, BLG, LEP симментальской породы и Сибирячка / Д. А. Авадани, А. М. Шукюрова // Проблемы биологии, зоотехнии и биотехнологии: сборник трудов научно-практической конференции научного общества студентов и аспирантов биолого-технологического факультета Новосибирского ГАУ, посвященной памяти профессора Ивана Ивановича Гудилина, Новосибирск, 20–24 декабря 2021 года/Новосибирский государственный аграрный университет. – Новосибирск: ИЦ НГАУ «Золотой колос», 2022. – С. 3–7.

9. Айтназаров, Р. Б. Оценка генетического разнообразия и филогенетических отношений чёрно-пёстрого скота Новосибирской области с использованием микросателлитных маркеров / Р. Б. Айтназаров, Т. М. Мишакова, Н. С. Юдин // Вавиловский журнал генетики и селекции. – 2021. – Т. 25, № 8. – С. 831–838.

10. Алгоритмы иммунобиохимической генетики : учебно-методическое пособие / составители: А. М. Машуров, Н. О. Сухова, Р. О. Царев. – Новосибирск : СО РАСХН, 1998. – 112 с.

11. Аржанкова, Ю. В. Генетические особенности чёрно-пёстрого и помесного крупного рогатого скота по микросателлитным локусам / Ю. В. Аржанкова, И. А. Мосачихина, А. В. Харитонов // Известия Великолукской государственной сельскохозяйственной академии. – 2015. – № 1. – С. 7–11.

12. Афонина, Д. А. Влияние генотипа каппа-казеина на пищевую и биологическую ценность молока коров голштинской породы / Д. А. Афонина, О. В. Горелик, К. В. Новицкая // Аграрный вестник Урала. – 2025. – Т. 25, № 11. – С. 1822–1829.

13. Басонов, О. А. Молочная продуктивность коров голштинской породы разных генеалогических линий в зависимости от полиморфизма гена каппа-казеина / О. А. Басонов, Д. В. Борисанова, А. С. Кулаткова // Вестник аграрной науки. – 2025. – № 6 (117). – С. 31–39.

14. Бейшова, И. С. Влияние аллелей полиморфных генов bPIT-1, bGH и bGHR на показатели роста у крупного рогатого скота аулиекольской породы / И. С. Бейшова // Успехи современной науки. – 2017. – № 4. – С. 160–165.

15. Биджиева, А. А. Создание высокоудойного молочного стада красной степной породы (кубанский тип) / А. А. Биджиева, М.-А. Э. Текеев // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. – 2020. – № 6 (86). – С. 253–256.

16. Валитов, Х. З. Продуктивные и воспроизводительные качества коров чёрно-пёстрой и красной степной пород / Х. З. Валитов, С. В. Карамаев, В. А. Корнилова, А. Н. Фролкин // Главный зоотехник. – 2020. – № 1. – С. 21–31.

17. Варламова, М. И. Полиморфизм гена лептина голштинской породы крупного рогатого скота / М. И. Варламова, Ш. К. Шакиров, Н. Ю. Сафина [и др.] // Актуальные вопросы ветеринарной биологии. – 2020. – № 3 (47). – С. 3–6.

18. Владимиров, Л. Н. Генетическое разнообразие популяции аборигенного якутского скота по микросателлитным локусам / Л. Н. Владимиров, В. А. Мачахтырова, Г. Н. Мачахтыров [и др.] // Вестник НГАУ. – 2024. – № 2 (71). – С. 199–208.

19. Гаджиев, З. К. Полиморфизм гена каппа-казеина (CSN3) и его связь с молочной продуктивностью в выборках коров голштинской и красной степной пород / З. К. Гаджиев, Д. Д. Евлагина, Г. П. Ковалева [и др.] // Международный вестник ветеринарии. – 2025. – № 1. – С. 317–325.

20. Гайнутдинова, Э. Р. Влияние полиморфизма гена лептина (LEP) на молочную и мясную продуктивность коров-первотёлок голштинской породы / Э. Р.

Гайнутдинова, Н. Ю. Сафина, Ш. К. Шакиров [и др.] // Учёные записки Казанской государственной академии ветеринарной медицины им. Н. Э. Баумана. – 2021. – Т. 245, № 1. – С. 24–28.

21. Гайнутдинова, Э. Р. Идентификация полиморфизма гена PIT-1 в татарстанской популяции крупного рогатого скота голштинской породы / Э. Р. Гайнутдинова, Н. Ю. Сафина, Ш. К. Шакиров // Учёные записки Казанской государственной академии ветеринарной медицины им. Н. Э. Баумана. – 2019. – Т. 237, № 1. – С. 40–43.

22. Гайнутдинова, Э. Р. Связь полиморфизма гена PIT-1 (POU1F1) с признаками молочной продуктивности и воспроизводительной способности голштинского крупного рогатого скота / Э. Р. Гайнутдинова, Н. Ю. Сафина, Ф. Ф. Зиннатова, Ш. К. Шакиров // Достижения науки и техники АПК. – 2019. – Т. 33, № 11. – С. 69–73.

23. Гетманцева, Л. В. Полиморфизм гена POU1F1 у коров красной степной породы / Л. В. Гетманцева, М. А. Леонова, А. Ю. Колосов, А. В. Усатов // Аграрный вестник Урала. – 2014. – № 12 (130). – С. 23–25.

24. Гильманов, Х. Х. Характеристика быков-производителей с комплексными генотипами генов BLG и INOS по молочной продуктивности женских предков / Х. Х. Гильманов, С. В. Тюлькин, И. В. Ржанова, Р. Р. Вафин // Учёные записки Казанской государственной академии ветеринарной медицины им. Н. Э. Баумана. – 2020. – Т. 241, № 1. – С. 71–75.

25. Гладырь, Е. А. Изучение изменчивости микросателлитов при создании нового типа мясного скота / Е. А. Гладырь, Г. М. Гончаренко, П. В. Горелов [и др.] // Достижения науки и техники АПК. – 2011. – № 10. – С. 30–32.

26. Гладырь, Е. А. Использование микросателлитов для характеристики аллелофонда популяций крупного рогатого скота Таджикистана / Е. А. Гладырь, Н. А. Зиновьева, В. А. Багиров [и др.] // Достижения науки и техники АПК. – 2012. – № 8. – С. 58–62.

27. Гладырь, Е. А. Характеристика аллелофонда якутского скота по микросателлитам / Е. А. Гладырь, Я. Л. Шадрина, П. В. Горелов [и др.] // Сельскохозяйственная биология. – 2011. – № 6. – С. 65–69.

28. Глинская, Н. А. Анализ генетической дифференциации популяций крупного рогатого скота чёрно-пёстрой породы по STR-локусам / Н. А. Глинская // Вестник Полесского государственного университета. – 2013. – № 2. – С. 21–26.

29. Глотова, Г. Н. Действие аллельных вариантов гена CSN3 молока на его состав и физико-химические показатели при переработке творога / Г. Н. Глотова, В. А. Позолотина // Вестник Рязанского государственного агротехнологического университета им. П. А. Костычева. – 2021. – № 2 (13). – С. 14–19.

30. Гончаренко, Г. М. Влияние голштинизации симментальской породы на изменение полиморфизма генов CSN3, BLG и их связь с продуктивностью и сыропригодностью / Г. М. Гончаренко, Н. Б. Гришина, О. В. Плахина [и др.] // Сибирский вестник сельскохозяйственной науки. – 2016. – № 4. – С. 44–53.

31. Гончаренко, Г. М. Генотипическая структура, метаболический статус и качество молока коров симментальской породы / Г. М. Гончаренко, Е. Ю. Заборских, О. И. Себежко [и др.] // Сибирский вестник сельскохозяйственной науки. – 2024. – Т. 54, № 12 (313). – С. 89–98.

32. Гончаренко, Г. М. Оценка полиморфизма коров разных пород по генам продуктивности и резистентности / Г. М. Гончаренко, Д. А. Авадани, Т. С. Хорошилова // Вестник Алтайского государственного аграрного университета. – 2024. – № 2 (232). – С. 54–61.

33. Гончаренко, Г. М. Сравнительная оценка молочных пород по STR и SNP маркёрам, продуктивности и качеству молока / Г. М. Гончаренко, Д. А. Авадани, Т. С. Хорошилова // Инновационные методы и технологии повышения продуктивности в молочном животноводстве: Материалы II Всероссийской научно-практической конференции, Барнаул, 24–25 октября 2024 года. – Барнаул: Алтайский государственный аграрный университет, 2024. – С. 6–13.

34. Гончаренко, Г. М. Сравнительная оценка полиморфизма генов CSN3, PRL, BLG, TNF-α и групп крови у коров симментальской породы / Г. М. Гончаренко, С. Н. Магер, Н. Б. Гришина [и др.] // Сибирский вестник сельскохозяйственной науки. – 2017. – Т. 47, № 5 (258). – С. 47–56.

35. Гончаренко, И. В. Исследование генных модификаций каппа-казеина молока крупного рогатого скота / И. В. Гончаренко, Ю. В. Гузеев // Аграрный вестник Причерноморья : сб. науч. тр. – Одесса : ОГАУ, 2011. – № 58. – С. 15–19.

36. ГОСТ 32901-2014. Молоко и молочная продукция. Методы микробиологического анализа. – Москва : Стандартинформ, 2015. – 30 с.

37. Грашин, В. А. Молочная продуктивность коров самарского типа чёрно-пёстрой породы в зависимости от генотипа по локусу гена каппа-казеина / В. А. Грашин, А. А. Грашин // Известия Самарской государственной сельскохозяйственной академии. – 2011. – № 1. – С. 151–153.

38. Грибанова, Ж. А. Полиморфизм гена бета-лактоглобулина и его влияние на молочную продуктивность и качественные показатели молока коров белорусской чёрно-пёстрой породы / Ж. А. Грибанова, О. П. Курак // Актуальные проблемы интенсивного развития животноводства. – 2012. – № 15, ч. 2. – С. 40–49.

39. Громова, Т. В. Оценка эффективности селекционных мероприятий по совершенствованию крупного рогатого скота симментальской породы в Алтайском крае / Т. В. Громова, И. А. Камардина // Вестник Алтайского государственного аграрного университета. – 2021. – № 11 (205). – С. 51–55.

40. Гукежев, В. М. Красная степная порода – перспектива для юга России / В. М. Гукежев, М. С. Габаев, М. А. Губжоков // Известия Кабардино-Балкарского научного центра РАН. – 2019. – № 2 (88). – С. 89–95.

41. Денискова, Т. Е. Характеристика аллелофонда популяции симментальского и помесного скота Поволжья с использованием микросателлитов / Т. Е. Денискова, В. В. Волков, О. В. Костюнина [и др.] // Вестник Алтайского государственного аграрного университета. – 2019. – № 7 (173). – С. 100–106.

42. Джаксыбаева, Г. Г. Идентификация генов, ассоциированных с молочной продуктивностью коров симментальской и красной степной пород Казахстана / Г. Г. Джаксыбаева, Н. Н. Кочнев // Вестник НГАУ. – 2025. – № 1 (74). – С. 142–150.

43. Дроздов, Е. В. Аллельный полиморфизм гена PIT-1 в стадах крупного рогатого скота Брянской области и его связь с молочной продуктивностью / Е. В. Дроздов, В. В. Заякин, И. Я. Нам // Известия Самарского научного центра РАН. – 2011. – Т. 13, № 5 (3). – С. 235–239.

44. Дубовскова, М. П. Генетическая структура и ассоциация полиморфизма генов гормона роста (L127V) и лептина (A80V) с продуктивностью в Северо-Кавказской популяции герефордской породы / М. П. Дубовскова, Н. П. Герасимов // Животноводство и кормопроизводство. – 2020. – Т. 103, № 3. – С. 91–101.

45. Ежегодник по племенной работе в молочном скотоводстве в хозяйствах Российской Федерации (2025 год). – Москва : ВНИИплем, 2026. – 255 с.

46. Епишко, О. А. Полиморфизм генов молочной продуктивности в популяции крупного рогатого скота Республики Беларусь / О. А. Епишко, Л. А. Танана, В. В. Пешко, Р. В. Трахимчик // Сборник научных трудов Северо-Кавказского научно-исследовательского института животноводства. – 2014. – Т. 3, № 1. – С. 41–46.

47. Загидуллин, Л. Р. Доля и достоверность влияния гена белка теплового шока на показатели молочной продуктивности коров / Л. Р. Загидуллин, Р. Р. Хисамов, Р. Р. Каюмов // От модернизации к опережающему развитию: обеспечение конкурентоспособности и научного лидерства АПК : материалы междунар. науч.-практ. конф. – Екатеринбург : Уральский ГАУ, 2022. – С. 163–165.

48. Зарипов, О. Г. Влияние полиморфизмов генов SCD1 и AGPAT6 на содержание и жирнокислотный состав молочного жира у коров голштинизированной чёрно-пёстрой породы / О. Г. Зарипов // Международный научно-исследовательский журнал. – 2023. – № 11 (137). – С. 136–140.

49. Зарубежнова, Д. В. Молочная продуктивность коров джерсейской породы с разными генотипами PIT1, GH / Д. В. Зарубежнова // Учёные записки Казанской государственной академии ветеринарной медицины им. Н. Э. Баумана. – 2025. – Т. 263, № 3. – С. 119–123.

50. Зиннатов, Ф. Ф. Взаимосвязь генов LEP, TG5, SCD1 с жирномолочностью коров / Ф. Ф. Зиннатов, Т. Р. Якупов, Ф. Ф. Зиннатова [и др.] // Учёные записки Казанской государственной академии ветеринарной медицины им. Н. Э. Баумана. – 2022. – Т. 250, № 2. – С. 85–92.

51. Зиннатов, Ф. Ф. Идентификация и анализ полиморфизма генов белкового обмена у коров голштинской породы / Ф. Ф. Зиннатов, Т. М. Ахметов, Н. Д. Чевтаева [и др.] // Вестник Марийского государственного университета. – 2024. – Т. 10, № 1. – С. 17–26.

52. Зиннатов, Ф. Ф. Оценка качества молока коров голштинской породы с разными аллельными вариантами гена бета-лактоглобулина (BLG) / Ф. Ф. Зиннатов, Т. М. Ахметов, Т. Р. Якупов [и др.] // Актуальные вопросы совершенствования технологии производства и переработки продукции сельского хозяйства : материалы междунар. науч.-практ. конф. – Йошкар-Ола, 2024. – С. 514–517.

53. Зиннатов, Ф. Ф. Полиморфные варианты генов белкового обмена у голштинских коров / Ф. Ф. Зиннатов, Т. Р. Якупов, Ф. Ф. Зиннатова, Р. Р. Хисамов // Вестник Марийского государственного университета. – 2022. – Т. 8, № 1. – С. 25–33.

54. Зиннатов, Ф. Ф. Характерные особенности влияния генов белкового обмена на показатели качества молока коров джерсейской породы / Ф. Ф. Зиннатов, С. В. Тюлькин, Т. М. Ахметов [и др.] // Учёные записки Казанской государственной

академии ветеринарной медицины им. Н. Э. Баумана. – 2024. – Т. 257, № 1. – С. 98–104.

55. Зырянова, А. А. Генетическая структура симментальского скота по гену каппа-казеина и её влияние на молочную продуктивность / А. А. Зырянова, М. Ю. Севостьянов, О. А. Шевкунов // Вестник Курганской ГСХА. – 2022. – № 1 (41). – С. 26–31.

56. Иванова, И. П. Полиморфизм гена CSN3 и его взаимосвязь с молочной продуктивностью коров / И. П. Иванова, И. В. Троценко // Вестник ОмГАУ. – 2024. – № 3 (55). – С. 80–86.

57. Иванова, И. П. Совершенствование молочного скота красной степной породы / И. П. Иванова, И. В. Троценко // Вестник Омского ГАУ. – 2023. – № 1 (49). – С. 93–97.

58. Иванюк, В. П. Влияние биохимических параметров крови глубокостельных коров на иммунобиохимический статус телят / В. П. Иванюк // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. – 2020. – № 5 (85). – С. 156–160.

59. Игнатьева, Л. П. Оценка племенной ценности коров симментальской породы по пожизненной продуктивности в зависимости от возраста выбытия и происхождения / Л. П. Игнатьева, А. А. Сермягин // Вестник КрасГАУ. – 2024. – № 3. – С. 122–130.

60. Ильина, А. В. Генетическая оценка состояния популяционного генофонда крупного рогатого скота ярославской породы в ОАО «Михайловское» Ярославского района / А. В. Ильина, Ю. В. Муштукова, О. А. Хуртина // Вестник АПК Верхневолжья. – 2014. – № 4 (28). – С. 39–43.

61. Кабицкая, Я. А. Генетическая идентификация как критерий совпадений с данными первичного учёта животных на территории УФО / Я. А. Кабицкая, Л. А.

Калашникова, А. Е. Калашников // Вестник РГАТУ. – 2020. – № 1 (45). – С. 114–119.

62. Калашникова, Л. А. Оценка полиморфизма генов иммунной системы TNF и TLR2 у крупного рогатого скота / Л. А. Калашникова, И. Е. Багаль, Н. Е. Муругина [и др.] // Генетика. – 2024. – Т. 60, № 12. – С. 66–74.

63. Калашникова, Л. А. Полиморфизм гена фактора некроза опухоли (TNF) у крупного рогатого скота холмогорской породы / Л. А. Калашникова, И. Е. Багаль, В. Е. Калашников // Вестник Ошского государственного университета. – 2023. – № 4 (5). – С. 63–67.

64. Калашникова, Л. А. Рекомендации по геномной оценке крупного рогатого скота / Л. А. Калашникова, А. Я. Хабибрахманова, И. Ю. Павлова [и др.]. – Лесные Поляны : ВНИИплем, 2015. – 33 с.

65. Ковалюк, Н. В. Использование полиморфизма локуса LEP в селекции чёрно-пёстрого скота / Н. В. Ковалюк, В. Ф. Сацук, Е. В. Мачульская [и др.] // Молочное и мясное скотоводство. – 2017. – № 3. – С. 14–16.

66. Ковалюк, Н. В. Полиморфизм аллелей гена LEP у субпопуляции крупного рогатого скота айрширской породы / Н. В. Ковалюк, В. Ф. Сацук, А. Е. Волченко [и др.] // Генетика. – 2015. – Т. 51, № 2. – С. 266–270.

67. Ковалюк, Н. В. Связь полиморфизмов гена лептина с предрасположенностью крупного рогатого скота к кетозу / Н. В. Ковалюк, Л. И. Якушева, Е. В. Кузьминова [и др.] // Генетика и разведение животных. – 2020. – № 3. – С. 20–26.

68. Кожевникова, И. С. Полиморфизм локуса A80V гена LEP у коров холмогорской породы / И. С. Кожевникова, Н. А. Худякова, А. С. Кашин [и др.] // Вестник КрасГАУ. – 2025. – № 1. – С. 72–77.

69. Костомахин, Н. М. Породы крупного рогатого скота / Н. М. Костомахин. – Москва: Колос, 2011. – 119 с.

70. Кочнев, Н. Н. Влияние полиморфизма -824 A/G гена фактора некроза опухоли на молочную продуктивность коров / Н. Н. Кочнев, Т. И. Крыцына, Р. Б. Айтназаров [и др.] // Сибирский вестник сельскохозяйственной науки. – 2014. – № 4. – С. 68–74.

71. Крыцына, Т. И. Полиморфизм -824 A/G гена фактора некроза опухоли альфа и показатели воспроизводства коров / Т. И. Крыцына, Н. Н. Кочнев, Р. Б. Айтназаров [и др.] // Достижения науки и техники АПК. – 2015. – Т. 29, № 1. – С. 39–41.

72. Кугенев, П. В. Практикум по молочному делу / П. В. Кугенев, Н. В. Барабанщиков. – М. : Агропромиздат, 1988. – 278 с.

73. Ламара, М. Влияние генов липидного обмена и живой массы при первом отеле на молочную продуктивность коров татарстанского типа / М. Ламара, Л. Р. Загидуллин, Т. М. Ахметов [и др.] // Учёные записки Казанской государственной академии ветеринарной медицины им. Н. Э. Баумана. – 2023. – Т. 254, № 2. – С. 139–145.

74. Ламара, М. Молочная продуктивность и качество молока коров с разными генотипами OLR1 и линейной принадлежностью / М. Ламара, Л. Р. Загидуллин, Т. М. Ахметов [и др.] // Учёные записки Казанской государственной академии ветеринарной медицины им. Н. Э. Баумана. – 2023. – Т. 253, № 1. – С. 163–167.

75. Ламара, М. Характеристика быков с разным генотипом гена OLR по продуктивности женских предков / М. Ламара, Т. М. Ахметов, С. В. Тюлькин [и др.] // Агробиотехнологии и цифровое земледелие. – 2023. – № 4 (8). – С. 61.

76. Лейбова, В. Б. Биохимический профиль крови в послеотельный период у коров-первотёлок в связи с полиморфными вариантами гена SCD1 и репродуктивной способностью / В. Б. Лейбова, М. В. Позовникова // Аграрный вестник Урала. – 2020. – № 4 (195). – С. 56–63.

77. Лейбова, В. Б. Биохимический статус коров сухостойного периода в связи с полиморфными вариантами гена SCD1 и репродуктивным потенциалом / В. Б. Лейбова, М. В. Позовникова // Известия Тимирязевской сельскохозяйственной академии. – 2021. – № 1. – С. 78–86.

78. Лемякин, А. Д. Оценка качества молока коров костромской породы с разными аллельными вариантами гена каппа-казеина / А. Д. Лемякин, А. Н. Тяжченко, А. А. Чаицкий [и др.] // Актуальные вопросы развития науки и технологий : сборник статей молодых учёных 73-й студенческой научной конференции. – Караваево, 2022. – С. 482–487.

79. Леонова, М. А. Интенсификация селекционного процесса в животноводстве с использованием метода ПЦР / М. А. Леонова [и др.] // Молодой учёный. – 2014. – № 11. – С. 172–175.

80. Лиходеевская, О. Е. Исследование генов, ассоциированных с молочной продуктивностью чёрно-пёстрого скота / О. Е. Лиходеевская, О. В. Горелик, Г. А. Лиходеевский // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. – 2021. – № 1 (87). – С. 279–284.

81. Лоретц, О. Г. Влияние генотипа каппа-казеина на технологические свойства молока / О. Г. Лоретц, Е. В. Матушкина // Аграрный вестник Урала. – 2014. – № 3 (121). – С. 23–26.

82. Люханов, М. П. Однонуклеотидный полиморфизм в популяции крупного рогатого скота красной степной породы / М. П. Люханов, О. С. Короткевич, О. И. Себежко, Н. С. Юдин // Современные проблемы науки и образования. – 2014. – № 1. – С. 326.

83. Манцевич, Е. А. Генотипирование крупного рогатого скота по гену LEP / Е. А. Манцевич, О. А. Епишко // Сельское хозяйство – проблемы и перспективы : сб. науч. тр. – Гродно, 2019. – С. 146–150.

84. Матюков, В. С. Внутрипопуляционная генетическая дифференциация быков холмогорской породы Республики Коми по микросателлитам / В. С. Матюков, Я. А. Жириков, С. В. Николаев // Известия Коми научного центра Уральского отделения РАН. – 2025. – № 1 (77). – С. 75–82.

85. Михайленко, Т. Н. Молочная продуктивность коров чёрно-пёстрой породы разных генотипов в локусах генов PIT-1, PRL / Т. Н. Михайленко, М. И. Селионова, Е. С. Суржикова // Новости науки в АПК. – 2018. – № 2. – С. 190–194.

86. Михайлова, М. Е. Генотипирование полиморфных вариантов генов гормона роста (GH) и рилизинг-фактора (PIT-1), ассоциированных с молочной продуктивностью крупного рогатого скота / М. Е. Михайлова, Е. В. Белая, Н. М. Волчок [и др.] // Современные достижения и проблемы биотехнологии сельскохозяйственных животных. – Дубровицы : ВИЖ, 2008. – С. 185–189.

87. Михалюк, А. Н. Влияние генов пролактина (PRL) и бета-лактоглобулина (BLG) на показатели молочной продуктивности коров белорусской чёрно-пёстрой породы / А. Н. Михалюк, Л. А. Танана, О. А. Епишко // Учёные записки УО «Витебская ордена «Знак Почёта» государственная академия ветеринарной медицины». – 2021. – Т. 57, № 1. – С. 99–103.

88. Михалюк, А. Н. Влияние генов пролактина (PRL) и бета-лактоглобулина (BLG) на показатели молочной продуктивности коров высокоголштинизированной белорусской чёрно-пёстрой породы / А. Н. Михалюк, Л. А. Танана, О. А. Епишко // Учёные записки УО «Витебская ордена «Знак Почёта» государственная академия ветеринарной медицины». – 2021. – Т. 57, № 2. – С. 122–127.

89. Модоров, М. В. Генетическая структура популяции голштинизированного чёрно-пёстрого скота на территории Урала / М. В. Модоров, И. В. Ткаченко, А. А. Грин [и др.] // Генетика. – 2021. – Т. 57, № 4. – С. 437–444.

90. Недашковский, И. С. Популяционно-генетическая характеристика, оценка геномного инбридинга и гомозиготности крупного рогатого скота чёрно-пёстрой и голштинской пород по STR и SNP маркёрам / И. С. Недашковский, А. А.

Сермягин, О. В. Костюнина [и др.] // Вестник Пермского университета. Серия Биология. – 2021. – Вып. 4. – С. 295–306.

91. Недашковский, И. С. Популяционно-генетическая характеристика холмогорской породы крупного рогатого скота, разводимой в Архангельской области, на основе микросателлитных маркеров / И. С. Недашковский, А. Ф. Контэ, В. В. Волкова [и др.] // Достижения науки и техники АПК. – 2025. – Т. 39, № 1. – С. 57–63.

92. Николаев, С. В. Сравнительная генетическая характеристика микросателлитного профиля голштинизированных и чистопородных холмогорских быков / С. В. Николаев, В. Л. Ялуга // Аграрная наука. – 2023. – № 7. – С. 58–62.

93. Новиков, Д. В. Полиморфизм генов молочных белков у коров голштинской породы в условиях Рязанской области / Д. В. Новиков, Л. А. Калашникова, М. А. Беган // Вестник РГАТУ. – 2014. – № 2 (22). – С. 12–15.

94. Нореззин, А. Характеристика аллелофонда крупного рогатого скота тидили и голштинской пород, разводимых в Марокко, по микросателлитным маркерам / А. Нореззин // Приоритетные векторы развития промышленности и сельского хозяйства : материалы I междунар. науч.-практ. конф. – Воронеж : Воронежский ГАУ, 2018. – Т. 1. – С. 126–130.

95. Обрушникова, Л. Ф. Экстерьерные особенности, молочная продуктивность и качество молока красной степной породы при использовании в рационах новых пребиотических кормовых добавок / Л. Ф. Обрушникова, М. И. Сложенкина, И. Ф. Горлов [и др.] // Животноводство и кормопроизводство. – 2023. – № 2 (106). – С. 63–74.

96. Оздемиров, А. А. Оценка ассоциаций генов PIT-1 и PRL с молочной продуктивностью и анализ условий статистической подтверждаемости различий у коров красной степной породы / А. А. Оздемиров, Е. О. Крупин // Международный вестник ветеринарии. – 2025. – № 4. – С. 478–490.

97. Оздемиров, А. А. Полиморфизм генов Pit-1, PRL, GH молочного скота кавказской бурой породы, разводимого в различных природно-экологических зонах Республики Дагестан / А. А. Оздемиров, М. И. Селионова, Л. Н. Чижова [и др.] // Юг России: экология, развитие. – 2020. – Т. 15, № 2 (55). – С. 165–171.

98. Олейник, С. А. Оценка генетических параметров в субпопуляции скота джерсейской породы на основе изучения STR-маркеров и их потенциального влияния на изменчивость показателей развития животных / С. А. Олейник, А. В. Лесняк // Сельскохозяйственная биология. – 2025. – Т. 60, № 2. – С. 271–286.

99. Охлопков, С. С. Симментальский скот Якутии: селекция, молочная и мясная продуктивность / С. С. Охлопков, Н. С. Пермяков, Н. И. Горохов. – Якутск : Бичик, 2011. – 138 с. – ISBN 978-5-7696-3488-8.

100. Павлова, Н. И. Полиморфизм генов CSN3, LGB и PRL у крупного рогатого скота, разводимого в Республике Саха (Якутия) / Н. И. Павлова, Н. П. Филиппова, А. В. Чугунов [и др.] // Достижения науки и техники АПК. – 2016. – Т. 30, № 11. – С. 103–106.

101. Панин, В. А. Молокопродуктивность симментальских коров в условиях степной зоны Оренбургской области / В. А. Панин // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. – 2020. – № 2 (82). – С. 247–251.

102. Панин, В. А. Оценка генотипа по генам CSN3 и LGB, влияющим на синтез молочного белка и жира в молоке симментальских коров / В. А. Панин // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. – 2020. – № 1 (81). – С. 197–201.

103. Петров, А. Ф. Генетическая структура скота сибирского отродья по микросателлитным локусам / А. Ф. Петров, Е. В. Камалдинов // Вестник НГАУ. – 2024. – № 3 (72). – С. 230–239.

104. Петрова, М. Ю. Зависимость молочной продуктивности коров красной степной породы от сбалансированности рационов / М. Ю. Петрова, Г. Е. Акифьева, Н. А. Косарева // Вестник НГАУ. – 2021. – № 4. – С. 150–156.

105. Петрова, М. Ю. Красный степной скот Западной Сибири: прошлое и настоящее : монография / М. Ю. Петрова. – Омск : Омский АНЦ, 2023. – 140 с. – ISBN 978-5-98559-037-1.

106. Петрова, М. Ю. Увеличение продуктивного долголетия красной степной породы крупного рогатого скота / М. Ю. Петрова, Н. Н. Новикова, Н. А. Косарева // Вестник КрасГАУ. – 2021. – № 4. – С. 93–98.

107. Погорельский, И. А. Полиморфизм гена бета-лактоглобулина (BLG) в стаде крупного рогатого скота чёрно-пёстрой породы и взаимосвязь его генотипов с показателями молочной продуктивности / И. А. Погорельский, М. В. Позовникова // Генетика и разведение животных. – 2014. – № 1. – С. 45–47.

108. Погорельский, И. А. Полиморфизм генов бета-лактоглобулина, гормона роста и пролактина и влияние их генотипов на молочную продуктивность коров / И. А. Погорельский, Г. Н. Сердюк, М. В. Позовникова // Молочное и мясное скотоводство. – 2014. – № 6. – С. 9–13.

109. Подречнева, И. Ю. Аллельный полиморфизм генов CSN3 и CSN2 у быков-производителей молочных пород / И. Ю. Подречнева, П. О. Щеголев, С. Г. Белокуров // Международный научно-исследовательский журнал. – 2020. – № 5-1 (95). – С. 109–113.

110. Позовникова, М. В. Полиморфизм гена бета-лактоглобулина (β-LG) среди быков-производителей айрширской породы отечественного генофонда / М. В. Позовникова, О. В. Тулинова, Е. В. Арлимова [и др.] // Генетика и разведение животных. – 2015. – № 4. – С. 10–15.

111. Позовникова, М. В. Связь полиморфизма гена PIT-1 с продуктивными признаками голштинизированного чёрно-пёстрого скота / М. В. Позовникова, Г. Н. Сердюк // Генетика и разведение животных. – 2017. – № 4. – С. 37–41.

112. Позовникова, М. В. Связь полиморфных вариантов гена стеароил-КоА-десатуразы (SCD1) с хозяйственно ценными признаками в российской популяции коров айрширской породы / М. В. Позовникова, Г. Н. Сердюк, О. В. Тулинова [и др.] // Сельскохозяйственная биология. – 2017. – Т. 52, № 6. – С. 1139–1147.

113. Положение о проведении молекулярной генетической экспертизы племенной продукции государств – членов Евразийского экономического союза: утв. Решением Коллегии Евразийской экономической комиссии от 2 июня 2020 г. № 74. – 2020.

114. Рачкова, Е. Н. Ассоциация полиморфизма генов TG5 и LEP с динамикой лактации коров-первотёлок / Е. Н. Рачкова, Ф. Ф. Зиннатова, Ю. Р. Юльметьева [и др.] // Ветеринарный врач. – 2016. – № 6. – С. 61–66.

115. Рачкова, Е. Н. Наследуемость молочной продуктивности в зависимости от полиморфизма гена бета-лактоглобулина / Е. Н. Рачкова // Учёные записки Казанской государственной академии ветеринарной медицины им. Н. Э. Баумана. – 2016. – Т. 226, № 2. – С. 209–213.

116. Романова, В. В. Совершенствование симментальского скота в условиях Центральной Якутии / В. В. Романова, Н. И. Горохов, А. В. Чугунов, Е. С. Васильева // Вестник Бурятской государственной сельскохозяйственной академии им. В. Р. Филиппова. – 2012. – № 3 (28). – С. 59–62.

117. Рудишина, Н. М. Характеристика кулундинского типа скота красной степной породы по молочной продуктивности / Н. М. Рудишина, И. А. Суманова, Т. Н. Стиций // Вестник Алтайского государственного аграрного университета. – 2007. – № 3 (29). – С. 42–44.

118. Самарин, С. А. Симментальская порода крупного рогатого скота и её монбельярдский породный тип / С. А. Самарин, П. В. Шаравьёв // Молодёжь и наука. – 2019. – № 3. – С. 38.

119. Сарычев, В. А. Характеристика молочной продуктивности и технологических свойств молока коров чёрно-пёстрой породы с разными аллельными вариантами гена каппа-казеина (CSN3) / В. А. Сарычев, А. И. Афанасьева // Вестник КрасГАУ. – 2024. – № 5 (206). – С. 167–176.

120. Сафина, Н. Ю. Влияние генотипов гена стеарил-КоА-десатуразы на энергию роста коров-первотёлок голштинской породы / Н. Ю. Сафина, Ю. Р. Юльметьева, Т. М. Ахметов [и др.] // Учёные записки Казанской государственной академии ветеринарной медицины им. Н. Э. Баумана. – 2017. – Т. 231, № 3. – С. 119–123.

121. Сафина, Н. Ю. Мониторинг полиморфных вариантов гена стеарил-КоА-десатуразы (SCD1) крупного рогатого скота в зависимости от направления продуктивности / Н. Ю. Сафина, Ш. К. Шакиров, Т. М. Ахметов [и др.] // Учёные записки Казанской государственной академии ветеринарной медицины им. Н. Э. Баумана. – 2018. – Т. 233, № 1. – С. 136–140.

122. Сафина, Н. Ю. Полиморфизм гена β-лактоглобулина (LGB) и его взаимосвязь с экономически важными признаками голштинского скота / Н. Ю. Сафина, Ф. Ф. Зиннатова, Ю. Р. Юльметьева [и др.] // Зоотехния и ветеринария. – 2018. – Т. 32, № 9. – С. 78–80.

123. Сафина, Н. Ю. Характеристика биологической эффективности и полноценности молочной продуктивности голштинских коров-первотёлок с разными генотипами лептина (LEP) / Н. Ю. Сафина // Вестник Курской государственной сельскохозяйственной академии. – 2018. – № 4. – С. 131–133.

124. Сафина, Н. Ю. Экономические потери молока и выручки вследствие яловости коров с разными генотипами гена TNF-α-824 / Н. Ю. Сафина, З. З. Фатта-

хова, Э. Р. Гайнутдинова, Ш. К. Шакиров // Учёные записки Казанской государственной академии ветеринарной медицины им. Н. Э. Баумана. – 2022. – Т. 252, № 4. – С. 216–221.

125. Седых, Т. А. Влияние полиморфизма гена лептина на продуктивность мясного скота / Т. А. Седых, Л. А. Калашникова, Р. С. Гизатуллин, В. И. Косилов // Российская сельскохозяйственная наука. – 2020. – № 5. – С. 54–58.

126. Симошина, Ю. Н. Продуктивные особенности коров стада красной степной породы кулундинского типа в зависимости от типа телосложения / Ю. Н. Симошина, Н. М. Рудишина, И. С. Кондрашкова // Вестник Алтайского государственного аграрного университета. – 2014. – № 2 (112). – С. 88–92.

127. Слепцов, И. И. Полиморфизм 15 микросателлитных локусов ДНК у крупного рогатого скота калмыцкой породы и аборигенного якутского скота, разводимых на территории Республики Саха (Якутия) / И. И. Слепцов, В. В. Додохов, Н. И. Павлова, Ф. Г. Каюмов // Животноводство и кормопроизводство. – 2019. – № 2 (102). – С. 60–67.

128. Смарагдов, М. Г. Методы молекулярных маркеров в селекции хозяйственно ценных признаков у крупного рогатого скота (обзор) / М. Г. Смарагдов // Сельскохозяйственная биология. – 2005. – № 6 (40). – С. 38–40.

129. Снигирёв, С. О. Молочная продуктивность коров разных генотипических групп чёрно-пёстрого скота в зависимости от полиморфизма гена каппа-казеина / С. О. Снигирёв, С. А. Ламонов, И. А. Скоркина, Е. А. Гладырь // Вестник Мичуринского государственного аграрного университета. – 2023. – № 1 (72). – С. 94–97.

130. Солдатов, А. П. Красная степная порода / А. П. Солдатов // Полный каталог пород домашних животных. – М.: Эксмо-Пресс, 2001. – С. 12–13.

131. Столповский, Ю. А. Генетическая структура аборигенного тагильского скота по STR- и SNP-маркёрам / Ю. А. Столповский, С. В. Бекетов, Е. В. Солоднева [и др.] // Сельскохозяйственная биология. – 2021. – Т. 56, № 6. – С. 1123–1133.

132. Сулимова, Г. Е. Уникальность костромской породы крупного рогатого скота с позиции молекулярной генетики / Г. Е. Сулимова, И. В. Лазебная, А. В. Перчун [и др.] // Достижения науки и техники АПК. – 2011. – № 9. – С. 52–54.

133. Суржикова, Е. С. ДНК-генотипирование по генам CAPN1, GH, LEP ремонтного молодняка крупного рогатого скота мясного направления продуктивности / Е. С. Суржикова, Д. Д. Евлагина, Т. Н. Михайленко, О. Н. Онищенко // Сельскохозяйственный журнал. – 2023. – № 2 (16). – С. 108–116.

134. Сычёва, О. В. Генетические маркеры в молочном скотоводстве / О. В. Сычёва, Л. В. Кононова // Аграрно-пищевые инновации. – 2018. – № 1 (1). – С. 27–31.

135. Тамарова, Р. В. Технологические свойства молока ярославских чистопородных коров / Р. В. Тамарова, Н. Г. Ярлыков // Сыроделие и маслоделие. – 2009. – № 4. – С. 53–54.

136. Танана, Л. А. Характеристика STR-полиморфизма крупного рогатого скота белорусской чёрно-пёстрой породы / Л. А. Танана, Н. А. Глинская, О. А. Епишко // Вестник Полесского государственного университета. Серия 5. – 2014. – № 3 (182). – С. 116–122.

137. Траспов, А. А. Полиморфизм микросателлитных локусов крупного рогатого скота чёрно-пёстрой породы Республики Башкортостан в связи с молочной продуктивностью / А. А. Траспов, И. Ю. Долматова, Н. А. Зиновьева // Вестник Башкирского государственного аграрного университета. – 2012. – № 4 (24). – С. 49–52.

138. Тюлькин, С. В. Влияние породы и генотипа по гену лептина на молочную продуктивность и качество молока коров / С. В. Тюлькин, Р. Р. Шайдуллин, Х. Х. Гильманов [и др.] // Ветеринарный врач. – 2019. – № 3. – С. 52–56.

139. Тюлькин, С. В. Оценка молочной продуктивности и качества молока коров с разными генотипами бета-казеина / С. В. Тюлькин // Материалы 21-й междунар. науч.-практ. конф., посвящ. памяти В. М. Горбатова. – М., 2018. – С. 256–257.

140. Фенченко, Н. Г. Генетические особенности скота чёрно-пёстрой и симментальской пород по микросателлитным локусам и их использование в селекции / Н. Г. Фенченко, Н. И. Хайруллина, Д. Х. Шамсутдинов [и др.] // Вестник Курганской ГСХА. – 2017. – № 2 (22). – С. 70–74.

141. Филиппова, Н. П. Микросателлитный анализ якутского скота / Н. П. Филиппова, Н. И. Павлова, Л. П. Корякина [и др.] // Животноводство и кормопроизводство. – 2018. – № 4 (101). – С. 58–63.

142. Фолин, П. Ю. Полиморфизм гена каппа-казеина у коров симментальской породы и показатели их молочной продуктивности за первую лактацию / П. Ю. Фолин, Е. А. Гладырь, С. А. Ламонов, И. А. Скоркина // Вестник Мичуринского государственного аграрного университета. – 2023. – № 2 (73). – С. 160–163.

143. Хаертдинов, Р. А. Значение бета-лактоглобулина в белковом составе козьего молока / Р. А. Хаертдинов, Г. М. Закирова, И. Н. Камалдинов, А. Г. Фатихов // Учёные записки Казанской государственной академии ветеринарной медицины им. Н. Э. Баумана. – 2017. – № 1. – С. 58–61.

144. Хаертдинов, Р. А. Содержание белков в молоке коров бестужевской породы с различными генотипами по альфа-, бета-, каппа-казеинам и бета-лактоглобулину / Р. А. Хаертдинов // Сельскохозяйственная биология. – 1988. – № 5. – С. 71–75.

145. Худякова, Н. А. Ассоциация сайтов A80V, R25C, Y7F гена лептина с продолжительностью продуктивного долголетия у коров холмогорской породы / Н. А. Худякова, И. С. Кожевникова, И. А. Классен [и др.] // Вестник Российского университета дружбы народов. Серия: Агрономия и животноводство. – 2025. – Т. 20, № 3. – С. 471–481.

146. Худякова, Н. А. Генетические маркеры молочной продуктивности крупного рогатого скота (обзор) / Н. А. Худякова, М. А. Кудрина, А. О. Ступина [и др.] // Эффективное животноводство. – 2022. – № 6 (181). – С. 74–77.

147. Чаицкая, К. Д. Ассоциация аллельных вариантов гена лептина с показателями молочной продуктивности коров костромской, ярославской и чёрно-пёстрой пород в Костромской области / К. Д. Чаицкая, А. Д. Лемякин, А. Н. Тяжченко [и др.] // Сельскохозяйственная биология. – 2024. – Т. 59, № 6. – С. 1091–1107.

148. Чаицкий, А. А. Влияние генотипов гена каппа-казеина на сыропригодные свойства молока коров / А. А. Чаицкий, А. Д. Лемякин, А. Н. Тяжченко [и др.] // Вестник АПК Верхневолжья. – 2022. – № 2 (58). – С. 33–43.

149. Часовщикова, М. А. Генетическая характеристика голштинской породы крупного рогатого скота с использованием микросателлитных маркёров / М. А. Часовщикова // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. – 2019. – № 2 (76). – С. 191–193.

150. Часовщикова, М. А. Генетическая характеристика чёрно-пёстрой породы крупного рогатого скота с использованием микросателлитных маркёров / М. А. Часовщикова // Вестник Бурятской государственной сельскохозяйственной академии им. В. Р. Филиппова. – 2021. – № 1 (62). – С. 64–69.

151. Четвертакова, Е. В. Особенности молочной продуктивности коров-первотёлок красно-пёстрой породы с разными генотипами по гену каппа-казеина / Е. В. Четвертакова // Вестник КрасГАУ. – 2012. – № 9 (72). – С. 133–135.

152. Чижова, Л. Н. Оценка генетического потенциала молодняка молочного скота по маркерным генам CSN3, GH, PIT-1, PRL / Л. Н. Чижова, Е. С. Суржикова, Т. Н. Михайленко // Вестник Курской государственной сельскохозяйственной академии. – 2020. – № 6. – С. 40–46.

153. Чижова, Л. Н. Оценка генетического профиля молодняка крупного рогатого скота мясных пород на основе ДНК-диагностики по генам CAPN1, GH, TG, LEP / Л. Н. Чижова, Е. С. Суржикова, Т. Н. Михайленко // Вестник Курской государственной сельскохозяйственной академии. – 2020. – № 5. – С. 159–165.

154. Шаталина, О. С. Влияние степени генетического сходства по микросателлитным локусам родителей и дочерей на молочную продуктивность / О. С. Шаталина, И. В. Ткаченко, Д. А. Афонина, К. В. Новицкая // Российская сельскохозяйственная наука. – 2020. – № 2. – С. 66–69.

155. Шаталина, О. С. Генетическая структура популяции голштинизированного чёрно-пёстрого скота по микросателлитным локусам / О. С. Шаталина, И. В. Ткаченко, А. А. Ярышкин // Генетика. – 2021. – Т. 57, № 2. – С. 205–213.

156. Шевелёва, О. М. Характеристика генетической структуры стада герефордской породы по STR-локусам / О. М. Шевелёва, М. А. Часовщикова // Животноводство и кормопроизводство. – 2018. – № 4 (101). – С. 71–78.

157. Шевчук, А. П. Моделирование селекционного индекса молочной продуктивности коров красных пород скота / А. П. Шевчук, Н. А. Федосеева, Т. А. Князева, С. Е. Тяпугин // Вестник Алтайского государственного аграрного университета. – 2025. – № 2 (244). – С. 72–80.

158. Шукюрова, Е. Б. Генетическая характеристика голштинского крупного рогатого скота по ДНК-микросателлитам / Е. Б. Шукюрова, А. А. Лукашина, А. Н. Бузько // Вестник ДВО РАН. – 2020. – № 4. – С. 47–52.

159. Яковлев, А. Ф. Связь молекулярно-генетических маркеров с продолжительностью использования молочных коров / А. Ф. Яковлев, Н. В. Дементьева, В. П. Терлецкий // Генетика и разведение животных. – 2014. – № 4. – С. 3–7.

160. Ярлыков, Н. Г. ДНК-анализ в селекции ярославского скота / Н. Г. Ярлыков, Р. В. Тамарова // Молочное и мясное скотоводство. – 2008. – № 3. – С. 18–19.

161. Agung, P. P. Study of genetic diversity among Simmental cross cattle in West Sumatra based on microsatellite markers / P. P. Agung, F. Saputra, W. A. Septian [et al.] // Asian-Australasian Journal of Animal Sciences. – 2016. – Vol. 29, no. 2. – P. 176–183.

162. Ahmadi, M. M. Pituitary-specific transcription factor 1 (Pit-1) polymorphism and its association on milk production and some reproductive performance in Holstein dairy cows / M. M. Ahmadi, A. Mirzaei, H. Sharifiyazdi [et al.] // Revue de Médecine Vétérinaire. – 2015. – Vol. 166, no. 5–6. – P. 127–131.

163. Anggraeni, A. Genetic polymorphisms of the OLR1 and DGAT1 genes associated with milk components in Holstein Friesian dairy cattle under an intensive management in Central Java / A. Anggraeni // IOP Conference Series: Earth and Environmental Science. – 2019. – Vol. 287. – Art. 012001.

164. Ardicli, S. Association of polymorphisms in lipid and energy metabolism-related genes with fattening performance in Simmental cattle / S. Ardicli, D. Dincel, H. Samli [et al.] // Animal Biotechnology. – 2023. – Vol. 34, no. 8. – P. 3428–3440.

165. Ardicli, S. Evaluation of candidate gene effects and environmental factors on reproductive performance of Holstein cows / S. Ardicli, H. Samli, B. Soyudal [et al.] // South African Journal of Animal Science. – 2019. – Vol. 49, no. 2. – P. 380–394.

166. Barbosa, S. B. P. Genetic association of variations in the kappa-casein and β-lactoglobulin genes with milk traits in Girolando cattle / S. B. P. Barbosa, Í. I. M. de

Araújo, M. F. Martins [et al.] // Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal. – 2019. – Vol. 20. – P. 1–12.

167. Bayraktar, M. Association between stearoyl-CoA desaturase (SCD) gene polymorphisms and milk production in Holstein cattle breed / M. Bayraktar, B. D. Özcan // Turkish Journal of Agriculture – Food Science and Technology. – 2023. – Vol. 11, no. 4. – P. 799–802.

168. Bernard, L. Characterization of the caprine stearoyl-CoA desaturase gene and its mRNA showing an unusually long 3′ -UTR sequence arising from a single exon / L. Bernard, C. Leroux, H. Hayes [et al.] // Gene. – 2001. – Vol. 281, no. 1 – 2. – P. 53 – 61.

169. Bohlouli, M. Genome-wide associations for heat stress response suggest potential candidate genes underlying milk fatty acid composition in dairy cattle / M. Bohlouli, K. Halli, T. Yin [et al.] // Journal of Dairy Science. – 2022. – Vol. 105, no. 4. – P. 3323–3340.

170. Bowcock, A. High resolution of human evolutionary trees with polymorphic microsatellites / A. Bowcock, A. Ruiz-Linares, J. Tomfohrde [et al.] // Nature. – 1994. – Vol. 368. – P. 455–457.

171. Bringe, N. A. Forces involved in the enzymatic and acidic coagulation of casein micelles / N. A. Bringe, J. E. Kinsella // Developments in Food Proteins / ed. B. J. F. Hudson. – London : Elsevier Applied Science, 1987. – Vol. 5. – P. 159–194.

172. Cendron, F. Effects of β- and κ-casein, and β-lactoglobulin single and composite genotypes on milk composition and milk coagulation properties of Italian Holsteins assessed by FT-MIR / F. Cendron, M. Franzoi, M. Penasa [et al.] // Italian Journal of Animal Science. – 2021. – Vol. 20, no. 1. – P. 2243–2253.

173. Cheng, Y. Relationship of bovine TNF-α-824 gene polymorphisms with the risk of bovine tuberculosis in Holstein cattle / Y. Cheng, C. Huang, H. Tsai // The Journal of Veterinary Medical Science. – 2016. – Vol. 78, no. 5. – P. 727–732.

174. Chessa, S. Analysis of candidate SNPs affecting milk and functional traits in the dual-purpose Italian Simmental cattle / S. Chessa, E. L. Nicolazzi, L. Nicoloso [et al.] // Livestock Science. – 2015. – Vol. 173. – P. 1–8.

175. Ciampolini, R. Individual multilocus genotypes using microsatellite polymorphisms to permit the analysis of the genetic variability within and between Italian beef cattle breeds / R. Ciampolini, K. Moazami-Goudarzi, D. Vaiman [et al.] // Journal of Animal Science. – 1995. – Vol. 73, no. 11. – P. 3259–3268.

176. Crenshaw, E. B. Cell-specific expression of the prolactin gene in transgenic mice is controlled by synergistic interactions between promoter and enhancer elements / E. B. Crenshaw, K. Kalla, D. M. Simmons [et al.] // Genes & Development. – 1989. – Vol. 3, no. 7. – P. 959–972.

177. Dierkes, B. Partial genomic structure of the bovine Pit1 gene and characterization of a HinfI transition polymorphism in exon 6 / B. Dierkes, B. Kriegesmann, B. G. Baumgartner, B. Brenig // Animal Genetics. – 1998. – Vol. 29. – P. 405.

178. Ebrahimi Hoseinzadeh, Z. Association of PIT1 gene and milk protein percentage in Holstein cattle / Z. Ebrahimi Hoseinzadeh, M. R. Mohammadabadi, A. K. Esmailizadeh, A. Khezri // Journal of Livestock Science and Technologies. – 2015. – Vol. 3, no. 1. – P. 41–49.

179. Edriss, M. A. Association of PIT-1 gene polymorphism with birth weight, milk and reproduction traits in Isfahan Holstein cows / M. A. Edriss, V. Edriss, H. R. Rachmani // Archiv Tierzucht. – 2009. – Vol. 52. – P. 445–447.

180. Fiat, A. M. Caseins of various origins and biologically active casein peptides and oligosaccharides: structural and physiological aspects / A. M. Fiat, P. Jollès // Molecular and Cellular Biochemistry. – 1989. – Vol. 87. – P. 5–30.

181. Grosclaude, F. Localisation des substitutions d’acides aminés différenciant les variants A et B de la caséine bovine / F. Grosclaude, M. F. Mahé, J. C. Mercier, B. Ribadeau-Dumas // Genetics Selection Evolution. – 1972. – Vol. 4. – P. 515–521.

182. Guichoux, E. Current trends in microsatellite genotyping / E. Guichoux, L. Lagache, S. Wagner [et al.] // Molecular Ecology Resources. – 2011. – Vol. 11, no. 4. – P. 591–611.

183. Heidari, M. Effect of polymorphic variants of GH, Pit-1, and β-LG genes on milk production of Holstein cows / M. Heidari, M. A. Azari, S. Hasani [et al.] // Russian Journal of Genetics. – 2012. – Vol. 48, no. 4. – P. 417–421.

184. Holt, C. Primary and predicted secondary structures of the caseins in relation to their biological functions / C. Holt, L. Sawyer // Protein Engineering. – 1988. – Vol. 2. – P. 251–259.

185. Jarne, P. Microsatellites, from molecules to populations and back / P. Jarne, P. J. L. Lagoda // Trends in Ecology & Evolution. – 1996. – Vol. 11, no. 10. – P. 424–429.

186. Karimi, K. Allele and genotype frequencies of β-lactoglobulin gene in Iranian Najdi cattle and buffalo populations using PCR-RFLP / K. Karimi, M. T. Beigi Nasiri, J. Fayyazi [et al.] // African Journal of Biotechnology. – 2009. – Vol. 8, no. 15. – P. 3654–3657.

187. Khaizaran, Z. A. Analysis of selected milk traits in Palestinian Holstein-Friesian cattle in relation to genetic polymorphism / Z. A. Khaizaran, F. J. Al-Razem // Cellular and Animal Biology. – 2014. – Vol. 8, no. 5. – P. 74–85.

188. Khatib, H. Additional support for an association between OLR1 and milk fat traits in cattle / H. Khatib, G. Rosa, K. Weigel [et al.] // Animal Genetics. – 2007. – Vol. 38. – P. 308–310.

189. Khatib, H. Association of the OLR1 gene with milk composition in Holstein dairy cattle / H. Khatib, S. D. Leonard, V. Schutzkus [et al.] // Journal of Dairy Science. – 2006. – Vol. 89. – P. 1753–1760.

190. Komisarek, J. Effect of ABCG2, PPARGC1A, OLR1 and SCD1 gene polymorphism on estimated breeding values for functional and production traits in Polish Holstein-Friesian bulls / J. Komisarek, Z. Dorynek // Journal of Applied Genetics. – 2009. – Vol. 50, no. 2. – P. 125–132.

191. Komisarek, J. Impact of LEP and LEPR gene polymorphisms on functional traits in Polish Holstein-Friesian cattle / J. Komisarek // Animal Science Papers and Reports. – 2010. – Vol. 28, no. 2. – P. 133–141.

192. Li, Y.-C. Microsatellites within genes: structure, function, and evolution / Y.-C. Li, A. B. Korol, T. Fahima, E. Nevo // Molecular Biology and Evolution. – 2004. – Vol. 21, no. 6. – P. 991–1007.

193. López-Flores, I. The repetitive DNA content of eukaryotic genomes / I. López-Flores, M. A. Garrido-Ramos // Genome Dynamics. – 2012. – Vol. 7. – P. 1–28.

194. Macciotta, N. P. P. Association between a polymorphism at the stearoyl-CoA desaturase locus and milk production traits in Italian Holsteins / N. P. P. Macciotta, C. Dimauro, R. Steri [et al.] // Journal of Dairy Science. – 2008. – Vol. 91, no. 10. – P. 3983–3989.

195. Mazurovsky, L. Z. Creation of a new beef type of the Simmental cattle breed / L. Z. Mazurovsky, V. G. Litovchenko // Russian Agricultural Sciences. – 2001. – No. 9. – P. 39–43.

196. Medrano, J. F. Polymerase chain reaction amplification of bovine β-lactoglobulin genomic sequences and identification of genetic variants by RFLP analysis / J. F. Medrano, E. Aguilar-Cordova // Animal Biotechnology. – 1990. – Vol. 1, no. 1. – P. 73–77.

197. Mikolaychik, I. N. The relationship between the duration of the service period and the milk yield of the Holsteinized Black-Mottled breed / I. N. Mikolaychik, O. V. Gorelik, V. V. Nenahov [et al.] // IOP Conference Series: Earth and Environmental Science. – 2021. – Vol. 677, no. 4. – Art. 042016.

198. Molee, A. Effect of casein genes – beta-LGB, DGAT1, GH, and LHR – on milk production and milk composition traits in crossbred Holsteins / A. Molee, C. Poompramun, P. Mernkrathoke // Genetics and Molecular Research. – 2015. – Vol. 14, no. 1. – P. 2561–2571.

199. Morkūnienė, K. Genetic diversity of milk protein beta-lactoglobulin and association with production traits genomic values among Holstein cattle / K. Morkūnienė, I. Miceikienė, S. Kerzienė [et al.] // Indian Journal of Animal Sciences. – 2018. – Vol. 88, no. 11. – P. 1289–1293.

200. Nikšić, D. The influence of genetic β-lactoglobulin polymorphism on the quantity and quality of milk of the Simmental breed in Serbia / D. Nikšić, V. Pantelić, D. O. Andrić [et al.] // Genetika. – 2021. – Vol. 53, no. 1. – P. 263–270.

201. Ntambi, J. M. Loss of stearoyl-CoA desaturase-1 function protects mice against adiposity / J. M. Ntambi, M. Miyazaki, J. P. Stoehr [et al.] // PNAS USA. – 2002. – Vol. 99, no. 17. – P. 11482–11486.

202. Parmentier, I. Candidate gene markers associated with somatotropic axis and milk selection / I. Parmentier, D. Portetelle, N. Gengler [et al.] // Domestic Animal Endocrinology. – 1999. – Vol. 17, no. 2–3. – P. 139–148.

203. Paton, C. M. Biochemical and physiological function of stearoyl-CoA desaturase / C. M. Paton, J. M. Ntambi // American Journal of Physiology-Endocrinology and Metabolism. – 2009. – Vol. 297, no. 1. – P. E28–E37.

204. Prastowo, S. Variasi genotipe dan alel gen PIT1/HinfI pada sapi perah Friesian Holstein lokal di Boyolali Jawa Tengah / S. Prastowo, S. Sarah, G. Pambuko [et al.] // Journal of Tropical Animal and Veterinary Science. – 2022. – Vol. 12, no. 1. – P. 36–44.

205. Reinsch, N. Microsatellite markers associated with milk production traits in German Holstein cattle / N. Reinsch, H. Swalve, H. Nie // Journal of Dairy Science. – 2006. – Vol. 89, no. 9. – P. 3507–3514.

206. Renaville, R. Pit-1 gene polymorphism, milk yield, and conformation traits for Italian Holstein-Friesian bulls / R. Renaville, N. Gengler, E. Vrech [et al.] // Journal of Dairy Science. – 1997. – Vol. 80, no. 12. – P. 3431–3438.

207. Sadeghi, M. Genetic variation in hypothalamic-pituitary axis candidate genes and their effects on milk production traits in Iranian Holstein cattle / M. Sadeghi, M. Mokhber, M. Shahrbabak // Russian Journal of Genetics. – 2022. – Vol. 58, no. 11. – P. 1393–1400.

208. Safina, N. Dairy productivity of Holstein cattle with different genotypes of the β-lactoglobulin gene (BLG) / N. Safina, Sh. Shakirov, E. Gaynutdinova [et al.] // BIO Web of Conferences. – 2024. – Vol. 149. – Art. 01007.

209. Şahin Semerci, E. The effects of κ-casein, β-lactoglobulin, prolactin and DGAT1 polymorphisms on milk yields in Turkish Holstein cows / E. Şahin Semerci, M. S. Balcıoğlu // Turkish Journal of Veterinary & Animal Sciences. – 2022. – Vol. 46, no. 1. – P. 9–17.

210. Sàll, L. Comparison of microsatellite markers and SNP markers for parent-age testing in cattle / L. Sàll, L. Rönnegård, A. M. Johansson // Journal of Dairy Science. – 2012. – Vol. 95, no. 8. – P. 4733–4740.

211. Sampath, H. Skin-specific deletion of stearoyl-CoA desaturase-1 alters skin lipid composition and protects mice from high-fat diet-induced obesity / H. Sampath, M. T. Flowers, X. Liu [et al.] // Journal of Biological Chemistry. – 2009. – Vol. 284, no. 30. – P. 19961–19973.

212. Sawamura, T. An endothelial receptor for oxidized low-density lipoprotein / T. Sawamura, N. Kume, T. Aoyama [et al.] // Nature. – 1997. – Vol. 386. – P. 73–77.

213. Schennink, A. Genes involved in bovine milk-fat composition : PhD thesis / A. Schennink. – Wageningen : Wageningen University, 2009. – 171 p.

214. Schlötterer, C. The evolution of molecular markers – just a matter of fashion? / C. Schlötterer // Trends in Ecology & Evolution. – 2004. – Vol. 19, no. 6. – P. 279–283.

215. Smiltina, D. Molecular genetics analysis of milk protein gene polymorphism of dairy cows and breeding bulls in Latvia / D. Smiltina, Z. Grislis // Agronomy Research. – 2018. – Vol. 16, no. 3. – P. 900–909.

216. Soyudal, B. Association of polymorphisms in the CSN2, CSN3, LGB and LALBA genes with milk production traits in Holstein cows raised in Turkey / B. Soyudal, S. Ardicli, H. Samli [et al.] // Journal of the Hellenic Veterinary Medical Society. – 2018. – Vol. 69, no. 8. – P. 1271–1282.

217. Städele, V. Strategies for determining kinship in wild populations using genetic data / V. Städele, L. Vigilant // Ecology and Evolution. – 2016. – Vol. 6, no. 17. – P. 6107–6120.

218. Steinberg, R. S. Polymorphisms in genes coding milk proteins and protein hormones involved in milk production traits in Brazilian Guzerá cattle / R. S. Steinberg, M. R. S. Carvalho, I. C. Rosse [et al.] // Genetics and Molecular Research. – 2022. – Vol. 21, no. 3. – P. 1–15.

219. Strzałkowska, N. Effect of κ-casein and β-lactoglobulin loci polymorphism, cow's age, stage of lactation and somatic cell count on daily milk yield and milk composition in Polish Black-and-White cattle / N. Strzałkowska, K. Jóźwik, L. Zwierzchowski, Z. Ryniewicz // Animal Science Papers and Reports. – 2002. – Vol. 20, no. 1. – P. 21–35.

220. Szűcs, M. Assessment of genetic diversity and phylogenetic relationship of Limousin herds in Hungary using microsatellite markers / M. Szűcs, F. Szabó, B. Bán [et al.] // Asian-Australasian Journal of Animal Sciences. – 2019. – Vol. 32, no. 2. – P. 176–182.

221. Szyda, J. Evaluating markers in selected genes for association with functional longevity of dairy cattle / J. Szyda, M. Morek-Kopeć, J. Komisarek, A. Żarnecki // BMC Genetics. – 2011. – Vol. 12. – Art. 30.

222. Tsiaras, A. M. Effect of kappa-casein and β-lactoglobulin loci on milk production traits and reproductive performance of Holstein cows / A. M. Tsiaras, G. G. Bargouli, G. Banos, C. M. Boscos // Journal of Dairy Science. – 2005. – Vol. 88. – P. 327–334.

223. Wang, X. Short communication: A mutation in the 3′ untranslated region diminishes microRNA binding and alters expression of the OLR1 gene / X. Wang, T. Li, H. B. Zhao [et al.] // Journal of Dairy Science. – 2013. – Vol. 96. – P. 6525 – 6528.

224. Wang, X. Short communication: Association of an OLR1 polymorphism with milk production traits in the Israeli Holstein population / X. Wang, F. Peñagaricano, R. Tal-Stein [et al.] // Journal of Dairy Science. – 2012. – Vol. 95, no. 3. – P. 1565–1567.

225. Xu, L. Systematic profiling of short tandem repeats in the cattle genome / L. Xu, R. J. Haasl, J. Sun [et al.] // Genome Biology and Evolution. – 2017. – Vol. 9, no. 1. – P. 20–31.

226. Yao, Y. Null alleles and sequence variations at primer binding sites of STR loci within multiplex typing systems / Y. Yao, Q. Yang, C. Shao [et al.] // Legal Medicine (Tokyo). – 2018. – Vol. 30. – P. 10–13.

227. Yoon, D. H. Highly polymorphic bovine leptin gene / D. H. Yoon, B. H. Cho, B. L. Park [et al.] // Asian-Australasian Journal of Animal Sciences. – 2005. – Vol. 18, no. 11. – P. 1548–1551.

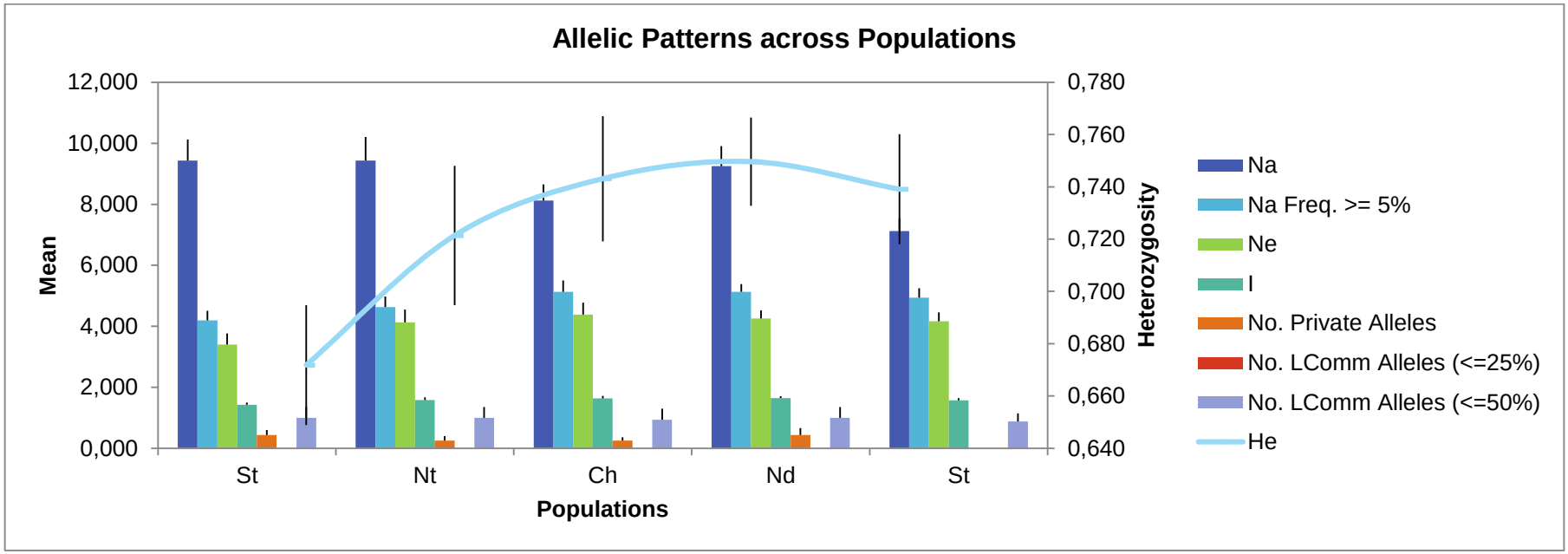
228. Zhao, Q. Associations of polymorphisms in the Pit-1 gene with growth and carcass traits in Angus beef cattle / Q. Zhao, M. E. Davis, H. C. Hines // Journal of Animal Science. – 2004. – Vol. 82. – P. 2229–2233.

229. Zsolnai, A. Comparison of different Hungarian Grey herds as based on microsatellite analysis / A. Zsolnai, A. Kovács, I. Anton [et al.] // Animal Science Papers and Reports. – 2014. – Vol. 32, no. 2. – P. 121–130.

230. Zwierzchowski, L. Effect of polymorphisms of growth hormone (GH), Pit-1, and leptin (LEP) genes, cow's age, lactation stage and somatic cell count on milk yield and composition of Polish Black-and-White cows / L. Zwierzchowski, J. Krzyżewski, N. Strzałkowska [et al.] // Animal Science Papers and Reports. – 2002. – Vol. 20. – P. 213–

ПРИЛОЖЕНИЕ

Приложение 1–Популяционно-генетические параметры стад симментальской и красной степной пород



Приложение 2– Частота аллелей в локусах микросаттелитов

Локус BM2113

Локус	Ал-лель/n	St	Nt	Ch	Nd	Stp
BM2113	N	314	146	55	250	51
	121	0,002	0,003	0,000	0,000	0,000
	123	0,003	0,034	0,009	0,000	0,000
	125	0,048	0,058	0,045	0,174	0,127
	127	0,425	0,277	0,291	0,258	0,265
	129	0,000	0,007	0,018	0,000	0,000
	131	0,189	0,257	0,209	0,032	0,010
	133	0,051	0,055	0,155	0,036	0,059
	135	0,172	0,103	0,145	0,262	0,147
	137	0,048	0,103	0,073	0,098	0,245
	139	0,059	0,092	0,055	0,136	0,147
	141	0,003	0,007	0,000	0,004	0,000
	143	0,000	0,003	0,000	0,000	0,000

Локус TGLA53

Локус	Ал-лель/n	St	Nt	Ch	Nd	Stp
TGLA53	N	314	146	55	250	51
	154	0,075	0,086	0,027	0,044	0,000
	158	0,010	0,021	0,018	0,102	0,069
	160	0,091	0,171	0,136	0,334	0,461
	162	0,073	0,158	0,045	0,146	0,069
	164	0,010	0,027	0,036	0,064	0,049
	166	0,062	0,048	0,173	0,040	0,039
	168	0,162	0,161	0,155	0,062	0,167
	170	0,180	0,099	0,173	0,054	0,039
	172	0,154	0,110	0,036	0,014	0,000
	174	0,002	0,003	0,000	0,000	0,000
	176	0,027	0,021	0,100	0,050	0,078
	178	0,000	0,003	0,000	0,022	0,000

	180	0,003	0,000	0,009	0,012	0,010
	182	0,000	0,007	0,000	0,006	0,000
	184	0,018	0,007	0,055	0,030	0,000
	186	0,121	0,075	0,036	0,020	0,020
	188	0,005	0,000	0,000	0,000	0,000
	190	0,008	0,003	0,000	0,000	0,000

Локус ETH10

Локус	Аллель/n	St	Nt	Ch	Nd	Stp
ETH10	N	314	146	55	250	51
	209	0,000	0,000	0,009	0,066	0,049
	213	0,021	0,034	0,073	0,088	0,049
	215	0,003	0,007	0,000	0,022	0,098
	217	0,530	0,644	0,491	0,276	0,343
	219	0,339	0,250	0,327	0,294	0,343
	221	0,048	0,034	0,045	0,022	0,000
	223	0,054	0,017	0,036	0,150	0,088
	225	0,003	0,014	0,018	0,082	0,029
	227	0,002	0,000	0,000	0,000	0,000

Локус CSRM60

Локус	Аллель/n	St	Nt	Ch	Nd	Stp
CSRM60	N	314	146	55	250	51
	88	0,002	0,000	0,000	0,000	0,000
	90	0,000	0,003	0,000	0,000	0,010
	92	0,619	0,408	0,191	0,224	0,294
	94	0,008	0,017	0,000	0,002	0,000
	96	0,102	0,130	0,164	0,186	0,314
	98	0,025	0,048	0,100	0,040	0,137
	100	0,045	0,140	0,109	0,104	0,039
	102	0,169	0,188	0,345	0,414	0,186
	104	0,025	0,055	0,073	0,026	0,020
	106	0,000	0,000	0,000	0,002	0,000
	108	0,005	0,010	0,000	0,000	0,000
	110	0,000	0,000	0,000	0,002	0,000
	114	0,000	0,000	0,018	0,000	0,000

Локус BM1818

Локус	Ал-лель/n	St	Nt	Ch	Nd	Stp
BM1818	N	314	146	55	250	51
	258	0,005	0,024	0,018	0,000	0,000
	260	0,002	0,021	0,027	0,018	0,010
	262	0,108	0,342	0,400	0,242	0,382
	264	0,186	0,045	0,100	0,074	0,176
	266	0,615	0,452	0,264	0,548	0,343
	268	0,078	0,099	0,182	0,114	0,059
	270	0,000	0,010	0,009	0,004	0,029
	272	0,006	0,007	0,000	0,000	0,000

Локус HAUT27

Локус	Ал-лель/n	St	Nt	Ch	Nd	Stp
HAUT27	N	314	146	55	250	51
	140	0,046	0,021	0,018	0,178	0,147
	142	0,061	0,027	0,082	0,200	0,157
	144	0,490	0,199	0,273	0,046	0,108
	146	0,013	0,021	0,018	0,010	0,010
	148	0,322	0,483	0,418	0,334	0,314
	150	0,030	0,058	0,036	0,058	0,020
	152	0,002	0,010	0,009	0,000	0,000
	154	0,030	0,168	0,145	0,112	0,225
	156	0,002	0,003	0,000	0,058	0,020
	158	0,005	0,010	0,000	0,004	0,000

Локус CSSM66

Локус	Ал-лель/n	St	Nt	Ch	Nd	Stp
CSSM66	N	314	146	55	250	51
	179	0,127	0,099	0,118	0,076	0,069
	181	0,024	0,000	0,064	0,008	0,000

	183	0,018	0,048	0,100	0,212	0,235
	185	0,565	0,514	0,418	0,112	0,225
	187	0,008	0,051	0,055	0,066	0,010
	189	0,123	0,120	0,145	0,364	0,373
	191	0,002	0,003	0,000	0,018	0,000
	193	0,068	0,072	0,027	0,070	0,000
	195	0,000	0,003	0,000	0,006	0,000
	197	0,054	0,065	0,064	0,020	0,049
	199	0,010	0,024	0,000	0,048	0,039
	201	0,000	0,000	0,009	0,000	0,000
	203	0,002	0,000	0,000	0,000	0,000

Локус BM1824

Локус	Ал-лель/n	St	Nt	Ch	Nd	Stp
BM1824	N	314	146	55	250	51
	178	0,271	0,147	0,173	0,382	0,216
	180	0,145	0,216	0,245	0,158	0,265
	182	0,164	0,308	0,373	0,156	0,353
	184	0,000	0,000	0,000	0,002	0,000
	186	0,003	0,000	0,000	0,022	0,000
	188	0,360	0,305	0,200	0,270	0,167
	190	0,056	0,024	0,009	0,008	0,000
	192	0,002	0,000	0,000	0,002	0,000

Локус ETH3

Локус	Аллель/n	St	Nt	Ch	Nd	Stp
ETH3	N	314	146	55	250	51
	103	0,002	0,000	0,000	0,000	0,000
	109	0,003	0,017	0,000	0,024	0,059
	117	0,471	0,349	0,464	0,406	0,471
	119	0,105	0,147	0,200	0,132	0,304
	121	0,013	0,014	0,027	0,024	0,020
	123	0,000	0,000	0,055	0,002	0,000
	125	0,268	0,182	0,164	0,106	0,098
	127	0,124	0,260	0,091	0,112	0,049
	129	0,014	0,031	0,000	0,194	0,000

Локус TGLA126

Локус	Ал-лель/n	St	Nt	Ch	Nd	Stp
TGLA126	N	314	146	55	250	51
	111	0,000	0,007	0,009	0,000	0,000
	113	0,000	0,027	0,000	0,002	0,000
	115	0,564	0,435	0,482	0,382	0,441
	117	0,285	0,284	0,345	0,422	0,422
	119	0,002	0,014	0,000	0,024	0,029
	121	0,038	0,031	0,045	0,114	0,010
	123	0,107	0,188	0,109	0,054	0,098
	125	0,005	0,014	0,009	0,002	0,000

Локус ETH225

Локус	Аллель/n	St	Nt	Ch	Nd	Stp
ETH225	N	314	146	55	250	51
	140	0,317	0,171	0,109	0,100	0,176
	142	0,010	0,007	0,055	0,030	0,118
	144	0,078	0,079	0,227	0,078	0,069
	146	0,162	0,072	0,082	0,050	0,039
	148	0,102	0,233	0,164	0,298	0,127
	150	0,304	0,404	0,291	0,310	0,216
	152	0,027	0,031	0,064	0,106	0,176
	154	0,000	0,000	0,000	0,026	0,078
	156	0,000	0,003	0,000	0,002	0,000
	158	0,000	0,000	0,009	0,000	0,000

Локус INRA023

Локус	Ал-лель/n	St	Nt	Ch	Nd	Stp
INRA023	N	314	146	55	250	51
	198	0,014	0,038	0,018	0,002	0,000
	200	0,045	0,034	0,109	0,052	0,059
	202	0,006	0,007	0,000	0,056	0,059
	204	0,006	0,007	0,000	0,000	0,000

	206	0,162	0,205	0,236	0,084	0,147
	208	0,264	0,229	0,136	0,150	0,206
	210	0,166	0,099	0,064	0,138	0,127
	212	0,018	0,075	0,045	0,002	0,020
	214	0,314	0,298	0,345	0,494	0,363
	216	0,000	0,003	0,036	0,006	0,020
	218	0,005	0,000	0,000	0,002	0,000
	220	0,000	0,000	0,009	0,014	0,000
	222	0,000	0,003	0,000	0,000	0,000

Локус ILSTS006

Локус	Ал-лель/n	St	Nt	Ch	Nd	Stp
ILSTS006	N	314	146	55	250	51
	284	0,008	0,000	0,000	0,008	0,029
	286	0,010	0,003	0,064	0,004	0,059
	288	0,172	0,253	0,291	0,292	0,157
	290	0,002	0,024	0,036	0,032	0,108
	292	0,094	0,106	0,082	0,228	0,147
	294	0,123	0,106	0,118	0,190	0,157
	296	0,583	0,490	0,364	0,220	0,324
	298	0,006	0,000	0,027	0,018	0,020
	300	0,003	0,017	0,009	0,008	0,000
	302	0,000	0,000	0,009	0,000	0,000

Приложение 3 – генетическое равновесие в стадах молочных пород Западной Сибири по STR- маркёрам

Генетическое равновесие по STR- маркёрам в стаде «ST»

Локус	DF	ChiSq	Prob	Signif
TGLA227	66	139,243	0,000	***
BM2113	45	65,439	0,025	*
TGLA53	120	148,217	0,041	*
ETH10	28	170,646	0,000	***
CSRM60	36	39,542	0,315	ns
SPS115	21	29,330	0,106	ns
TGLA122	91	616,114	0,000	***
BM1818	21	12,659	0,920	ns
HAUT27	45	73,768	0,004	**
CSSM66	55	64,875	0,170	ns
BM1824	21	28,402	0,129	ns
ETH3	28	25,768	0,586	ns
TGLA126	15	6,553	0,969	ns
ETH225	21	36,953	0,017	*
INRA023	45	43,673	0,528	ns
ILSTS006	36	16,495	0,998	ns

Генетическое равновесие по STR- маркёрам в стаде «Nt»

Локус	DF	ChiSq	Prob	Signif
TGLA227	91	174,942	0,000	***
BM2113	66	65,535	0,493	ns
TGLA53	120	125,538	0,346	ns
ETH10	21	7,180	0,998	ns
CSRM60	36	33,487	0,589	ns
SPS115	15	10,166	0,809	ns
TGLA122	78	190,942	0,000	***
BM1818	28	34,131	0,197	ns
HAUT27	45	58,978	0,079	ns
CSSM66	45	53,363	0,184	ns
BM1824	10	5,945	0,820	ns
ETH3	21	26,012	0,206	ns
TGLA126	28	16,968	0,949	ns
ETH225	28	19,518	0,881	ns
INRA023	55	192,423	0,000	***
ILSTS006	21	7,351	0,997	ns

Генетическое равновесие по STR- маркёрам в стаде «Ch»

Локус	**DF**	**ChiSq**	**Prob**	**Signif**
TGLA227	55	65,791	0,151	ns
BM2113	36	46,027	0,122	ns
TGLA53	78	70,833	0,705	ns
ETH10	21	65,904	0,000	***
CSRM60	21	71,670	0,000	***
SPS115	15	12,711	0,625	ns
TGLA122	45	29,348	0,966	ns
BM1818	21	36,548	0,019	*
HAUT27	28	27,328	0,500	ns
CSSM66	36	34,367	0,546	ns
BM1824	10	5,282	0,872	ns
ETH3	15	11,038	0,750	ns
TGLA126	15	17,832	0,272	ns
ETH225	28	41,736	0,046	*
INRA023	36	26,691	0,870	ns
ILSTS006	36	45,929	0,124	ns

Генетическое равновесие по STR- маркёрам в стаде «Nd»

Локус	**DF**	**ChiSq**	**Prob**	**Signif**
TGLA227	55	43,694	0,864	ns
BM2113	28	39,454	0,074	ns
TGLA53	105	166,495	0,000	***
ETH10	28	20,943	0,828	ns
CSRM60	36	14,692	0,999	ns
SPS115	10	12,915	0,228	ns
TGLA122	91	81,038	0,763	ns
BM1818	15	24,433	0,058	ns
HAUT27	36	52,299	0,039	*
CSSM66	55	57,435	0,385	ns
BM1824	28	19,878	0,869	ns
ETH3	28	29,930	0,367	ns
TGLA126	21	16,745	0,726	ns
ETH225	36	24,246	0,932	ns
INRA023	55	25,378	1,000	ns
ILSTS006	36	20,334	0,983	ns

Генетическое равновесие по STR- маркёрам в стаде «Stp»

Локус	**DF**	**ChiSq**	**Prob**	**Signif**
TGLA227	28	29,902	0,368	ns
BM2113	21	26,604	0,184	ns
TGLA53	45	33,121	0,905	ns
ETH10	21	39,241	0,009	**
CSRM60	21	20,261	0,505	ns
SPS115	10	8,220	0,607	ns
TGLA122	45	51,165	0,244	ns
BM1818	15	13,843	0,537	ns
HAUT27	28	29,748	0,375	ns
CSSM66	21	13,188	0,902	ns
BM1824	6	12,562	0,051	ns
ETH3	15	10,404	0,794	ns
TGLA126	10	20,540	0,025	*
ETH225	28	37,870	0,101	ns
INRA023	28	32,548	0,253	ns
ILSTS006	28	21,536	0,802	ns

ns – not significant (не значимо, Prob>0,05);

* – значимо (Prob≤0,05);

** – высоко значимо (Prob≤0,01);

*** – крайне значимо (Prob≤0,001).