

ИДЕНТИФИКАЦИЯ ГЕНОВ, АССОЦИИРОВАННЫХ С МОЛОЧНОЙ ПРОДУКТИВНОСТЬЮ КОРОВ СИММЕНТАЛЬСКОЙ И КРАСНОЙ СТЕПНОЙ ПОРОД КАЗАХСТАНА

¹Г.Г. Джаксыбаева, ²Н.Н. Кочнев

¹Торайгыров университет, Павлодар, Республика Казахстан

²Новосибирский государственный аграрный университет, Новосибирск, Россия

E-mail: gulnarajaks@gmail.com

Для цитирования: Джаксыбаева Г.Г., Кочнев Н.Н. Идентификация генов, ассоциированных с молочной продуктивностью коров симментальской и красной степной пород Казахстана // Вестник НГАУ (Новосибирский государственный аграрный университет). – 2025. – № 1(74). – С. 142–150. – DOI 10.31677/2072-6724-2025-74-1-142-150.

Ключевые слова: частота генотипа, частота аллелей, каппа-казеин, бета-лактоглобулин, PIT-1, красная степная порода, симментальская порода.

Реферат. Генетическая структура симментальской и красной степной пород по локусам CSN3, BLG, PIT-1 характеризуется высокой частотой гетерозигот (на уровне 45–50 %). Доля гомозигот варьирует в породах. Так, у симменталов частота CSN3^{AA} и CSN3^{BB} составляет 27 и 24 %, у красной степной – 34,2 и 16,6 %. По гену BLG частоты гомозигот у двух пород распределены относительно одинаково – 12 % (BLG^{AA}) и 37 % (BLG^{BB}). В отличие от равного соотношения аллельных вариантов гена CSN3, частота аллеля BLG^B в 1,8 раза выше альтернативного аллеля ($p < 0,01$). Установлены межпородные различия по частоте генотипов PIT-1^{AA} и PIT-1^{BB} ($p < 0,05$). У симменталов частота гомозигот составляет 23 % (PIT-1^{AA}) и 30 % (PIT-1^{BB}), а у красной степной породы – соответственно 9,2 и 47,5 %. Частотное распределение аллелей у симменталов относительно равно, у красной степной превалирует PIT-1^B (70 против 30 %). У коров симментальской породы установлено, что гомозиготный генотип CSN3^{BB} оказывает положительное влияние ($p < 0,05$) на повышение удоя, выход молочного белка и жира в молоке по сравнению с другими генотипами. Статистически достоверных различий между животными разных генотипов по гену CSN3 у коров красной степной породы и гену BLG у обеих пород не установлено. Установлены степень и направление связи между показателями молочной продуктивности, гематологическими и биохимическими показателями крови у животных симментальской и красной степной пород с учетом их генотипической принадлежности, которые можно использовать в оценке функциональной изменчивости признаков.

IDENTIFICATION OF GENES ASSOCIATED WITH MILK PRODUCTIVITY OF COWS OF SIMMENTAL AND RED STEPPE BREEDS OF KAZAKHSTAN

¹G.G. Jaxybayeva, ²H.N. Kochnev

¹Toraigyrov University, Pavlodar, Republic of Kazakhstan

²Novosibirsk State Agrarian University, Novosibirsk, Russia

E-mail: gulnarajaks@gmail.com

Keywords: genotype frequency, allele frequency, kappa-casein, beta-lactoglobulin, PIT-1, red steppe breed, simmental breed.

Abstract. The genetic structure of the Simmental and Red Steppe breeds at the CSN3, BLG, and PIT-1 loci is characterized by a high frequency of heterozygotes (at the level of 45–50 %). The proportion of homozygotes varies in breeds. Thus, the frequency of CSN3^{AA} and CSN3^{BB} in simmentals is 27 and 24 %, and in Red Steppe breed – 34.2 and 16.6 %. According to the BLG gene, the frequencies of homozygotes in the two breeds are relatively equally distributed – 12 % (BLG^{AA}) and 37 % (BLG^{BB}). In contrast to the equal ratio of allelic variants of the CSN3 gene, the frequency of the BLG^B allele is 1.8 times higher than the alternative allele ($p < 0.01$). Interbreed differences in the frequency of PIT-1^{AA} and PIT-1^{BB} genotypes ($p < 0.05$) have been established. The frequency of homozygotes in Simmentals is 23 % (PIT-1^{AA}) and 30 % (PIT-1^{BB}), while in the Red Steppe breed it is 9.2 % and 47.5 %, respectively. The frequency distribution of alleles in simmentals is relatively equal, while PIT-1^B prevails in the red steppe (70 % versus 30 %). In Simmental cows, it was found that the homozygous CSN3^B genotype has

a positive effect ($p < 0.05$) on increasing milk yield, milk protein and fat in milk compared with other genotypes. There are no statistically significant differences between animals of different genotypes in the CSN3 gene in red steppe cows and the BLG gene in both breeds. The degree and direction of the relationship between indicators of milk productivity, hematological and biochemical parameters of blood in animals of the Simmental and Red Steppe breeds, taking into account their genotypic affiliation, which can be used in assessing the functional variability of traits, have been established.

Генетические полиморфизмы внесли большой вклад в характеристику сельскохозяйственных животных, отслеживание истории эволюции популяций и установление различий между породами крупного рогатого скота. Наиболее изученными являются гены каппа-казеина (CSN3) и бета-лактоглобулина (BLG), аллельные варианты которых связаны с показателями молочной продуктивности [1–9].

Одним из возможных генов–кандидатов молочной продуктивности рассматривают ген, кодирующий фактор транскрипции PIT-1 [10–13]. Одноименным геном PIT-1 активируется транскрипция пролактина (PRL), соматотропина (GH), рецептора соматотропин-рилизинг гормона (GHRH), бета-субъединицы тиреоидного гормона (THRB), бета-субъединицы рецептора тиреотропного гормона (TSH).

Учитывая особенности формирования генетической структуры разных пород, в том числе по генам–кандидатам молочной продуктивности, целесообразно было провести анализ полиморфизма генов CSN3, BLG, PIT-1 в популяциях животных, разводимых на территории Казахстана.

Цель исследования – изучить полиморфизм генов CSN3, BLG, PIT-1 методом ПЦР-ПДРФ у симментальской и красной степной пород казахстанской селекции и его связь с некоторыми интерьерными и продуктивными признаками.

ОБЪЕКТЫ И МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЙ

Исследования были проведены в период 2017 г., а также с 2022 по 2024 гг. в лаборатории биотехнологии животных НИИ «Агроинновации и биотехнологии» Торайгыров университета (г. Павлодар), а также на территории фермерских хозяйств Павлодарской области.

Объектом исследования послужили животные двух пород крупного рогатого скота молочного направления продуктивности: коровы красной степной породы ($n = 120$) и симментальской породы ($n = 103$). Предметом исследования являлись полиморфные гены: каппа-казеин (CSN3), бета-лактоглобулин (BLG), гипофизарного фактора транскрипции PIT-1.

Материалом для исследования являлась цельная венозная кровь. Забор крови производился из хвостовой вены в пробирки VACUETTE® с K2 ЭДТА для гематологических, молекулярно-генетических исследований цельной крови.

Экстракцию ДНК проводили в процессе лизирования клеток крови, закрепления ДНК на сорбенте, промывки (3×), элюции ДНК в ТЕ-буфер (50 мкл). Для экстракции нуклеиновой кислоты использовали набор реагентов ДНК-сорб-В компании АмплиСенс®, г. Москва. Качество и концентрацию извлеченных препаратов ДНК оценивали электрофоретическим методом в 1% агарозном геле.

Далее, согласно рекомендациям ученых [10, 14, 16], были проведены исследования генов с использованием полимеразной цепной реакции и полиморфизм длин рестриционных фрагментов (ПЦР-ПДРФ) и последующим анализом ампликонов гель-электрофорезом.

Для проведения ПЦР использованы набор с Таq ДНК-полимеразой и буфером AS компании «СибЭнзим» и готовая реакционная смесь БиоМастер HS-Таq ПЦР (2×) компании Биоллабмикс, г. Новосибирск.

Состав набора для ПЦР: Таq ДНК-полимераза (1 е.а./мкл); смесь dNTP (0,5 mM каждого); буфер для реакции «SE-буфер AS» (10X: 670 mM Tris-HCl (pH 8,8 при 25 °C); 166 mM (NH₄)₂SO₄; 0,1 % Tween-20); раствор MgCl₂ (50 mM); стерильная вода – 5 мл.

Состав реакционной смеси БиоМастер HS-Таq ПЦР (2×): 100 mM Tris-HCl, pH 8,5 (при 25 °C), 100 mM KCl, 0,4 mM каждого дезоксинуклеозидтрифосфата, 4 mM MgCl₂, 0,06 ед. акт./мкл Таq ДНК-полимеразы, 0,2 % Tween 20, стабилизаторы HS-Таq ДНК-полимеразы.

Использованы ПЦР-праймеры компаний «СибЭнзим» (г. Новосибирск) и Люмипроб РУС (г. Москва).

Последовательности олигонуклеотидов для гена CSN3:

BOSAS A: - 5' ATgTgCTgAgCAggT ATC CTA gTTATg g - 3';

BOSAS B: -5' CCA AAA gTAgAgTgC AAC AAC ACT g g - 3'.

Режим амплификации: 94 °С – 1 мин – денатурация, 62 °С – 1 мин – отжиг праймеров, 72 °С – 1,5 мин – синтез (×35); хранение – 4 °С.

Для ПДРФ-идентификации генотипов аллельных *CSN3^A* и *CSN3^B* 20 мкл ПЦР-пробы (883 пн) обрабатывали 10 ед. эндонуклеазы рестрикции PstI в 1×буфере «О» (СибЭнзим) при 37 °С в течение ночи. Сайт узнавания рестриктазы PstI – CTGCA↑G / G↓ACGTC. Источник фермента – штамм *E. coli*, несущего клонированный ген PstI из *Providenciastuartii*.

По результатам расщепления ампликонов получены генотипы *CSN3^{AA}*, *CSN3^{AB}* и *CSN3^{BB}*. О генотипе *CSN3^{AA}* свидетельствовало наличие трех фрагментов ДНК длиной 106, 306, 471 пн, генотип *CSN3^{AB}* показал четыре фрагмента ДНК длиной 106, 306, 471, 777 пн, *CSN3^{BB}* генотип определялся наличием двух фрагментов ДНК длиной 106, 777 пн.

Полиморфизм гена *BLG* был исследован с использованием метода ПЦР-ПДРФ в соответствии с рекомендациями по генетическому анализу крупного рогатого скота [15].

Последовательности олигонуклеотидов для исследуемого гена *BLG* (Medrano J.F., 1990):

BLG P3: 5' - gTC CTT gTgCTggAC ACC gAC TAC A - 3';

BLG P4: 5' - CAggAC ACC ggC TCC Cgg TAT ATg A - 3'.

Режим амплификации: 94 °С – 4 мин – предварительная денатурация (×1); 94 °С – 10 с – денатурация, 60 °С – 10 с – отжиг праймеров, 72 °С – 10 с – синтез (×38); 72 °С – 5 мин – финальная элонгация (×1); хранение – 4 °С.

Для определения полиморфизма гена *BLG* по вариантам *BLG^A* и *BLG^B* 20 мкл ПЦР пробы обрабатывали 5 ед. эндонуклеазы рестрикции HaeIII при 37 °С течение ночи. Сайт узнавания рестриктазы – GG↓CC / CC↓GG. Источник фермента – штамм *E. coli*, несущего клонированный ген Hae III из *Haemophilusaegyptius* в 1×буфере «С» (СибЭнзим).

ПЦР-ПДРФ показал наличие четырех рестрикционных фрагментов 153, 109, 79 и 74 пн соответствующих генотипу *BLG^{AB}*, трех фрагментов 109, 79 и 74 пн – *BLG^{BB}* и двух фрагментов 153, 109 пн – *BLG^{AA}*.

Для оценки полиморфизма гена *PIT-1* использовали последовательности олигонуклеотидов (Woollard J. Et al., 1994):

Pit1-F: 5' - AAA CCA TCA TCT CCC TTC TT - 3';

Pit1-R: 5' - AAT gTA CAA TgTgCC TTC TgA g - 3'.

Режим амплификации: 94 °С – 5 мин – предварительная денатурация (×1); 94 °С – 30 с – денатурация, 56 °С – 30 с – отжиг праймеров, 72 °С – 30 с – синтез (×35); 72 °С – 10 мин – финальная элонгация (×1); хранение – 4 °С [10].

Генотипирование гена *PIT-1* проводили путем расщепления продукта ПЦР с использованием рестриктазы *HinfI* при 37 °С течение ночи. Сайт узнавания *HinfI* – G↑ANTC / CTNA↓G. Источник: штамм *E. coli*, несущего клонированный ген *HinfI* из *Haemophilus influenzae*.

Генотипу *PIT-1^{AA}* соответствовало наличие одной полосы ДНК размером 451 пн, генотипу *PIT-1^{AB}* – три полосы ДНК размером 451 пн, 207 и 244 пн, генотипу *PIT-1^{BB}* – две полосы размером 207 и 244 пн.

Биохимический анализ крови проведен на ветеринарном анализаторе SMT-120V и на биохимическом анализаторе Biochem FC-120 методом фотометрии, гематологический анализ – методами кондуктометрии, фотометрии на гематологическом анализаторе MicroCC-20Plus Vet.

Сбор данных зоотехнического учета проведен из базы «АСЕРPAS» аналитического центра экономической политики в агропромышленном комплексе Республики Казахстан. Получена информация о молочной продуктивности (удой, жирномолочность, белкомолочность, количество молочного жира и белка) полновозрастных коров за 305 дней лактации.

Статистическая обработка проводилась с использованием стандартного пакета Microsoft Office Excel 2016. Нормальность распределения признаков оценивали с помощью критерия Шапиро–Уилка, сопряженность признаков – с помощью коэффициента корреляции Пирсона и рангового коэффициента Спирмена.

РЕЗУЛЬТАТЫ ИССЛЕДОВАНИЙ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ

В исследуемых породах крупного рогатого скота, разводимого в Павлодарской области Республики Казахстан, выявлены полиморфизмы генов *CSN3*, *BLG* и *PIT-1*. Генетическая структура симментальской и красной степной пород по гену *CSN3* представлена в табл. 1.

Таблица 1

Генетическая структура симментальской и красной степной пород по гену CSN3
Genetic structure of the Simmental and Red Steppe breeds according to the CSN3 gene

Порода	n	Частота генотипа, %						Частота аллелей, %		χ^2
		AA		AB		BB		A	B	
		n	%	n	%	n	%			
Симментальская	103	28	27,0 ± 4,4	50	48,0 ± 4,9	25	24,0 ± 4,1	52,0 ± 4,9	48,0 ± 4,9	0,47
Красная степная	120	41	34,2 ± 4,2	59	49,2 ± 4,5	20	16,6 ± 3,3	58,0 ± 4,5	42,0 ± 4,5	0,04

Наблюдаемая степень гетерозиготности (CSN3^{AB}) в породах составляет 48 и 49,2 % соответственно. Частота желательного генотипа (CSN3^{BB}) находится на уровне 16,6 и 24 %. В симментальской породе выявлены достоверные различия между частотами генотипов CSN3^{AA/AB} и CSN3^{AB/BB} ($p < 0,001$). У красной степной породы генотип CSN3^{AB} имеет самую высокую частоту – 49,2 %, за ним следуют CSN3^{AA} – 34,2 % и CSN3^{BB} – 16,6 %. Различия между этими частотами достоверны при $p < 0,05$ и $p < 0,001$. Межпородных различий по частотам одинаковых генотипов не установлено. Распределение частот в этих популяционных выборках не отличалось от теоретически ожидаемого, что может говорить о

генном равновесии и отсутствии существенного влияния факторов отбора и подбора животных.

Следует отметить, что наши данные по гену CSN3 у симментальской породы согласуются с результатами исследований Р. Bartonova по чешским симменталам (CSN3^{AB} – 48,7 %, частота аллеля В – 41,8 %) [17]. Частота встречаемости «желательного» генотипа CSN3^{BB} у животных симментальской и красной степной пород Северного Казахстана на 11,3 и 6,3 % выше, чем у пород соседнего Сибирского региона [18].

В отношении полиморфизма гена BLG генотип BLG^{BB} выявлен у 38,9 % симментальских коров, у красной степной породы – 36,8 % (табл. 2).

Таблица 2

Генетическая структура симментальской и красной степной пород по гену BLG
Genetic structure of the Simmental and Red steppe breeds according to the BLG gene

Порода	n	Частота генотипа, %						Частота аллелей, %		χ^2
		AA		AB		BB		A	B	
		n	%	n	%	n	%			
Симментальская	116	14	12,0 ± 3,0	58	50,0 ± 4,6	44	38,9 ± 4,47	35,0 ± 4,4	65,0 ± 4,4	1,12
Красная степная	98	12	12,2 ± 3,2	50	51,0 ± 5,0	36	36,8 ± 4,8	35,0 ± 4,8	65,0 ± 4,8	0,9

В структуре обеих пород преобладает гетерозиготный генотип BLG^{AB} (на уровне 50 %), частоты гомозигот минимальны (на уровне 12 %). Различия между частотами генотипов BLG^{AA/AB} и BLG^{AA/BB} у пород достоверны ($p < 0,05$). Различий между породами в пределах отдельных генотипов не выявлено, что может свидетельствовать об отсутствии вовлеченности этого гена в процесс породообразования. В то же время высокая частота аллеля BLG^B (65 %) по отношению к BLG^A (35 %) указывает на то, что существует

дифференцированный вклад аллелей в формирование структуры породы одного направления продуктивности.

По гену BLG симментальской породы наши данные согласуются с результатами исследований чистопородных симменталов Сибири, где желательный генотип BLG^{BB} выявлен у 39,2 % коров [19].

По гену PIT-1 в анализируемых выборках наблюдается преобладание частоты аллеля PIT-1^B: 51,0 и 70,0 % соответственно (табл. 3).

У красной степной породы генотип PIT-1^{BB} имеет самую высокую частоту (47,5 %), за ним следуют PIT-1^{AB} и PIT-1^{AA} – 43,3 и 9,2 %. Различия между частотами генотипов PIT-1^{AA/AB} и PIT-1^{AA/BB} красной степной породы достоверны ($p < 0,001$).

У симменталов преобладает гетерозиготы PIT-1^{AB} (45,0 %), гомозиготы составляют 23,0 %

(PIT-1^{AA}) и 30,0 % (PIT-1^{BB}). Различия между частотами генотипов PIT-1^{AA/AB} у симменталов достоверны ($p < 0,01$). Также отмечены межпородные различия ($p < 0,05$) между частотами генотипов по PIT-1^{AA} и PIT-1^{BB}.

Таблица 3

Генетическая структура симментальской и красной степной пород по гену PIT-1
Genetic structure of the Simmental and Red steppe breeds according to the PIT-1 gene

Порода	n	Частота генотипа, %						Частота аллелей, %		χ^2
		AA		AB		BB		A	B	
		n	%	n	%	n	%			
Симментальская	59	14	23,0± 5,5	27	45,0± 6,4	18	30,0 ± 5,9	49,0 ± 6,5	51,0 ± 6,5	0,6
Красная степная	120	11	9,2 ± 2,5	52	43,3± 4,5	57	47,5± 4,5	30,0 ± 4,2	70,0 ± 4,2	0,06

Таким образом, анализ генотипической структуры популяционных выборок, частоты аллелей и уровень значимости соответствия Харди–Вайнберга отражает различную степень генотипического разнообразия пород при генном равновесии.

После генотипирования полиморфных состояний по генам CSN3, BLG, PIT-1 был проведен сравнительный анализ показателей молочной продуктивности животных с разными генотипами.

При изучении связи генотипов по гену CSN3 с показателями продуктивности коров симментальской породы установлено, что гомозиготный генотип CSN3^{BB} оказывает положительное влияние ($p < 0,05$) на повышение удоя, выход молочного белка и жира в молоке по сравнению с другими генотипами (табл. 4). У красной степной породы достоверных различий по гену CSN3 не выявлено.

Таблица 4

Молочная продуктивность коров симментальской породы с разными генотипами CSN3
Milk productivity of Simmental cows with different CSN3 genotypes

Показатель	Генотип	n	$\bar{X} \pm S_{\bar{x}}$	Лимит		SD (δ)	Cv
				min	max		
Удой, кг	AA	28	5229 ± 115,4	4099	6740	610,8	11,5
	AB	50	6243 ± 107,0	4191	7460	756,7	12,1
	BB	25	7111 ± 126,5	5938	8876	632,7	8,9
Жир, %	AA	28	4,23 ± 0,054	3,7	4,97	0,287	6,8
	AB	50	4,26 ± 0,041	3,6	5,03	0,293	6,9
	BB	25	4,26 ± 0,055	3,81	4,87	0,277	6,5
Белок, %	AA	28	3,23 ± 0,021	3,06	3,56	0,113	3,5
	AB	50	3,21 ± 0,012	3,06	3,45	0,085	2,7
	BB	25	3,25 ± 0,021	3,08	3,62	0,104	3,2
Кол-во жира, кг	AA	28	229,2 ± 6,54	172,2	306,4	34,6	15,1
	AB	50	268,7 ± 5,11	173,4	346,9	36,1	13,5
	BB	25	301,7 ± 6,69	240,6	362,1	33,4	11,1
Кол-во белка, кг	AA	28	172,9 ± 3,91	142,2	222,8	20,7	12,0
	AB	50	201,6 ± 3,26	131,5	239,5	23,1	11,4
	BB	25	228,9 ± 4,75	169,3	292,9	23,7	10,4

Статистически достоверных различий между животными разных генотипов по гену BLG у симментальской и красной степной пород также не установлено (табл. 5).

Таблица 5

Молочная продуктивность коров красной степной породы с различными генотипами BLG
Milk productivity of Red Steppe cows with different BLG genotypes

Показатель	Генотип	n	$\bar{X} \pm S_{\bar{X}}$	Лимит		SD (δ)	Cv
				min	max		
Удой, кг	AA	12	7046 ± 312,5	5347	8808	1082	15,4
	AB	50	7099 ± 177,7	3602	9800	1257	17,7
	BB	36	6726 ± 219,6	4218	9132	1318	19,6
Жир, %	AA	12	4,03 ± 0,04	3,87	4,35	0,137	3,4
	AB	50	4,01 ± 0,02	3,7	4,36	0,144	3,6
	BB	36	4,0 ± 0,018	3,62	4,22	0,11	2,7
Белок, %	AA	12	3,2 ± 0,013	3,13	3,3	0,046	1,4
	AB	50	3,2 ± 0,011	3,04	3,42	0,077	2,4
	BB	36	3,23 ± 0,022	3,1	3,9	0,131	4,1
Кол-во жира, кг	AA	12	283,7 ± 13,1	213,9	345,3	45,3	16
	AB	50	284,5 ± 7,37	156,7	401,8	52,1	18,3
	BB	36	269,7 ± 9,05	167,5	375,3	54,3	20,1
Кол-во белка, кг	AA	12	225,5 ± 10,2	172,2	280,1	35,3	15,7
	AB	50	226,3 ± 5,48	123,2	308,7	38,8	17,1
	BB	36	216 ± 7,26	129,9	259,9	43,5	20,2

Очевидно, что вклад одного или нескольких генов в сложный по генетической природе количественный признак может быть незначительным, тем более если учитывать влияние множества паратипических факторов. Вероятно, поэтому исследователи демонстрируют противоречивые результаты. В то же время полученные ассоциации отражают уникальность каждой популяционной группы с точки зрения сложившегося динамического постоянства аллелофонда породы. Отсутствие контролируемого отбора по генам, косвенно связанным с селекционируемыми признаками, может изменить не только средние арифметиче-

ские величины, но и изменчивость и корреляции между признаками. Мы наблюдаем, что у животных разных генотипов существенных изменений фенотипической изменчивости показателей не произошло. Что касается изменений корреляций между признаками внутри генотипических групп животных, то здесь мы не наблюдаем значительных различий в степени и направлении связи между продуктивными, гематологическими и биохимическими показателями крови. В табл. 6 представлены только достоверные коэффициенты корреляции у животных разных генотипов по гену CSN3.

Таблица 6

Корреляция между биохимическими и гематологическими показателями животных симментальской и красной степной пород по гену CSN3
Correlation between biochemical and hematological parameters of animals of the Simmental and Red steppe breeds according to the CSN3 gene

Коррелирующий признак	CSN ^{AA}	CSN ^{AB}	CSN ^{BB}
1	2	3	4
<i>Симментальская порода</i>			
Удой, кг			
Аспаратаминотрансфераза (AST), ед/л	–	–	– 0,572±0,172**
Мочевина (BUN), ммоль/л	–	–	– 0,572±0,172**

1	2	3	4
Адренкортикотропный гормон (АКТГ), пг/мл	–	–	+ 0,516±0,179**
Кортизол, нмоль/л	–	– 0,358±0,135*	– 0,471±0,184*
Общий белок, г/л	–	– 0,320± 0,137*	–
Концентрация гемоглобина (hgb), г/л	+ 0,683±0,143***	–	–
Число лейкоцитов (WBC), 10 ⁹ /л	–	– 0,333± 0,136*	–
Средний объем тромбоцитов (mpv), фл	–	– 0,424± 0,131**	–
Однородность размера тромбоцитов (pdw), фл	–	– 0,297± 0,138*	–
Жир, %			
BUN, ммоль/л	+ 0,517±0,168***	–	–
Число лимфоцитов (LYM), 10 ⁹ /л	+ 0,410±0,179*	+ 0,434±0,177*	–
Белок, %			
Щелочная фосфатаза (ALP), ед/л	–	– 0,271± 0,127*	–
Содержание смеси моноцитов, эозинофилов, базофилов и незрелых клеток (MID), 10 ⁹ /л	–	+ 0,399± 0,147**	–
<i>Красная степная порода</i>			
Удой, кг			
Число гранулоцитов (GRA), 10 ⁹ /л	– 0,36±0,15*	–	–
Концентрация гемоглобина (HGB), г/л	+ 0,595±0,129***	+ 0,589±0,107***	–
Степень отклонения размера эритроцитов от нормального RDW-CV, %	+ 0,50±0,139***	–	–
Гематокрит (HCT), %	+ 0,628±0,125***	+ 0,801±0,079***	–
Число эритроцитов (RBC), 10 ¹² /л	–	–	+ 0,616±0,186**
WBC, 10 ⁹ /л	–	–	+ 0,469±0,208*
АКТГ, пг/мл	– 0,839±0,087***	–	–
Кортизол, нмоль/л	– 0,746±0,107***	– 0,835±0,073***	–
Жир, %			
ALP, ед/л	–	– 0,278±0,127*	–
MID, 10 ⁹ /л	–	– 0,406±0,146*	–
Белок, %			
ALP, ед/л	–	– 0,271±0,127*	–
Аланинаминотрансфераза (ALT), ед/л	–	–	– 0,504±0,204*
Магний, ммоль/л	–	–	– 0,598±0,189**

Примечание: * – $p < 0,05$; ** – $p < 0,01$; *** – $p < 0,001$

Таким образом, изучение полиморфизма генов в породах, разводимых на территории Северного Казахстана, его связи с молочной продуктивностью, морфологическими и биохимическими параметрами крови позволило получить дополнительную информацию о предлагаемых генети-

ческих маркерах крупного рогатого скота, в том числе для оценки функциональной изменчивости признаков.

ВЫВОДЫ

1. Генетическая структура симментальской и красной степной пород по локусам CSN3, BLG, PIT-1 характеризуется высокой частотой гетерозигот (на уровне 45–50 %). Доля гомозигот варьирует в породах. Так, у симменталов частота CSN3^{AA} и CSN3^{BB} составляет 27 и 24 %, у красной степной – 34,2 и 16,6 %. По гену BLG частоты гомозигот у двух пород распределены относительно одинаково – 12 % (BLG^{AA}) и 37 % (BLG^{BB}). В отличие от равного соотношения аллельных вариантов гена CSN3, частота аллеля BLG^B в 1,8 раза выше альтернативного аллеля ($p < 0,01$).

2. Установлены межпородные различия по частоте генотипов PIT-1^{AA} и PIT-1^{BB} ($p < 0,05$). У симменталов частота гомозигот составляет 23 % (PIT-1^{AA}) и 30 % (PIT-1^{BB}), а у красной степной породы соответственно 9,2 и 47,5 %. Частотное

распределение аллелей у симменталов относительно равное, у красной степной превалирует PIT-1^B (70 против 30 %).

3. У коров симментальской породы установлено, что гомозиготный генотип CSN3^{BB} оказывает положительное влияние ($p < 0,05$) на повышение удоя, выход молочного белка и жира в молоке по сравнению с другими генотипами. Статистически достоверных различий между животными разных генотипов по гену CSN3 у коров красной степной пород и гену BLG у обеих пород не установлено.

4. Установлены степень и направление связи между показателями молочной продуктивности, гематологическими и биохимическими показателями крови у животных симментальской и красной степной пород с учетом их генотипической принадлежности, которые можно использовать в оценке функциональной изменчивости признаков.

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

1. *Polymorphisms of leptin, β -lactoglobulin and pituitary transcription factor have no effect on milk characteristics in crossbred cows* / J.B. Ferreira, M.M. Guilhermino, J.H.G.M. Leite [et al.] // *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinariae Zootecnia*. – 2019. – Vol. 18(2). – P. 715–719.
2. *Bayraktar M.* Molecular characterization of Kappa-casein and β -lactoglobulin genes in Anatolian Black cattle and Holstein breeds // *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.* – 2022. – Vol. 74, № 1. – P. 133–140.
3. *Czerniawska-Piatkowska E., Cioch-Szklarz B., Kowalczyk A.* Relationship between Milk Protein Polymorphism and Selected Cows' Reproductive Indices // *Animals*. – 2023. – № 13(11). – P. 1–10.
4. *Егорова Е.В., Тамарова Р.В.* Молочная продуктивность коров разных пород во взаимосвязи с генотипами по каппа-казеину и бета-лактоглобулину // *Аграрный вестник Верхневолжья*. – 2019. – № 2 (27). – С. 79–85.
5. *Тюлькин С.В.* Влияние генотипа коров на их продуктивность и качество молока // *Пищевые системы*. – 2018. – Т. 1, № 3. – С. 38.
6. *Реализация генетического потенциала черно-пестрых коров разных генотипов по гену каппа-казеина* / А.Д. Лемякин, Л.С. Баданина, К.Д. Сабетова [и др.] // *Сельскохозяйственная наука Евро-Северо-Востока*. – 2023. – № 24 (6). С. 1021–1028.
7. *Сафина Н., Гайнутдинова Е., Шакиров С.* Молочная продуктивность голштинского скота с разными генотипами гена каппа-казеина (CSN3) // *Аграрный научный журнал*. – 2021. – № 10. – С. 93–97.
8. *Ладыка В., Скляренко Ю., Павленко Ю.* Анализ комплексных генотипов бета- и каппа-казеина быков молочных пород // *Разведение и генетика животных*. – 2020. – № 60. – С. 99–109.
9. *Тамарова Р.В., Егорова Е.В.* Влияние разных генотипов каппа-казеина и бета-лактоглобулина на продуктивность коров айрширской, голштинской и ярославской пород // *Главный зоотехник*. – 2021. – № 12. – С. 9–27.
10. *Позовникова М.В., Сердюк Г.Н.* Связь полиморфизма гена PIT-1 с продуктивными признаками голштинизированного черно-пестрого скота // *Генетика и разведение животных*. – 2017. – № 4. – P. 37–41.
11. *Полиморфизм гена ROU1F1 у коров красной степной породы* / Л.А. Гетманцева, М.А. Леонова, А.Ю. Колосова, А.В. Усатов // *Аграрный вестник Урала*. – 2014. – № 12(130). – С. 23–25.
12. *Genetic polymorphism of PIT-1 gene associated with milk production traits in Holstein cattle* / A. Trakovicka, N. Moravčikova, M. Gabor, M. Miluchova // *Acta Agr. Kapos.* – 2014. – № 18 (1). – P. 146–151.
13. *Association of PIT1 Gene with Milk Fat Percentage in Holstein Cattle* / Z. Ebrahimi Hoseinzadeh, M.R. Mohamadabadi, A. Esmailizadeh Koshkuieh, A. Khezri1, A. Najmi Noori // *Iranian Journal of Applied Animal Science*. – 2015. – № 5 (3). – P. 575–582.
14. *Калашникова Л.А.* ДНК-технологии оценивают сельскохозяйственных животных. – *Лесные Поляны: ВНИИплем*, 1999. – 148 с.
15. *Рекомендации по геномной оценке крупного рогатого скота* / Л.А. Калашникова, Я.А. Хабибрахманова, И.Ю. Павлова [и др.]. – *Лесные Поляны*, 2015. – 33 с.
16. *Кириленко С.Д., Глазко В.И.* Идентификация генотипов по каппа-казеину и VLAD мутации с использованием полимеразной цепной реакции у крупного рогатого скота // *Цитология и генетика*. – 1995. – № 6. – С. 60–62.

17. Association between CSN3 and BCO2 gene polymorphisms and milk performance traits in the Czech Fleckvieh cattle breed / P. Bartonova, I. Vrtkova, K. Kaplanova, T. Urban // *Genet Mol Res.* – 2012. – № 11. – С. 1058. – DOI: 10.4238/2012.April.27.4.
18. Genotyping of selection-significant polymorphisms of cattle of the Western Siberia / N. Kochnev, G. Goncharenko, S. Mager [et al.] // *Intern. Sci. and Pract. Conf. "Development of the Agro-Industrial Complex in the Context of Robotization and Digitalization of Production in Russia and Abroad"*. – 2020. – Vol. 222. – P. 03019/
19. Влияние гоштинизации симментальской породы на изменение полиморфизма генов CSN3 и BLG и их связь с продуктивностью и сыропригодность / Г.М. Гончаренко, Н.Б. Гришина, О.В. Плахина [и др.] // *Сибирский вестник сельскохозяйственной науки.* – 2016. – № 4(251). – С. 44–53.

REFERENCES

1. Ferreira J.B., Guilhermino M.M., Leite J.H.G.M. [et al.], Polymorphisms of leptin, β -lactoglobulin and pituitary transcription factor have no effect on milk characteristics in crossbred cows, *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinariae Zootecnia*, 2019, Vol. 18(2), pp. 715–719.
2. Bayraktar M., Molecular characterization of Kappa-casein and β -lactoglobulin genes in Anatolian Black cattle and Holstein breeds, *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, 2022, Vol. 74, No. 1, pp. 133–140.
3. Czerniawska-Piątkowska E., Cioch-Szklarz B., Kowalczyk A., Relationship between Milk Protein Polymorphism and Selected Cows' Reproductive Indices, *Animals*, 2023, No. 13(11), pp. 1–10.
4. Egorashina E.V., Tamarova R.V., *Agrarnyy vestnik Verkhnevolzh'ya*, 2019, No. 2 (27), pp. 79–85. (In Russ.)
5. Tyul'kin S.V., *Pishchevye sistemy*, 2018, T. 1, No. 3, pp. 38. (In Russ.)
6. Lemyakin A.D., Badanina L.S., Sabetova K.D., Chaytskiy A.A., Shchogolev P.O., *Sel'skokhozyaystvennaya nauka Evro-Severo-Vostok*, 2023, No. 24 (6), pp. 1021–1028. (In Russ.)
7. Safina N., Gaynutdinova E., Shakirov S., *Agrarnyy nauchnyy zhurnal*, 2021, No. 10, pp. 93–97. (In Russ.)
8. Ladyka V., Sklyarenko Yu., Pavlenko Yu., *Razvedenie i genetika zhivotnykh*, 2020, No. 60, pp. 99–109. (In Russ.)
9. Tamarova R.V., Egorashina E.V., *Glavnyy zootekhnik*, 2021, No. 12, pp. 9–27. (In Russ.)
10. Pozovnikova M.V., Serdyuk G.N., *Genetika i razvedenie zhivotnykh* 2017, No. 4, pp. 37–41. (In Russ.)
11. Getmantseva L.A., Leonova M.A., Kolosova A.Yu., Usatov A.V., *Agrarnyy vestnik Urala*, 2014, No. 12(130), pp. 23–25. (In Russ.)
12. Trakovicka A., Moravčikova N., Gabor M., Miluchova M., Genetic polymorphism of PIT-1 gene associated with milk production traits in Holstein cattle, *Acta Agr. Kapos*, 2014, No. 18(1), pp. 146–151.
13. Ebrahimi Hoseinzadeh Z., Mohammadabadi M.R., Esmailzadeh Koshkuieh A., Khezri A., Najmi Noori A., Association of PIT1 Gene with Milk Fat Percentage in Holstein Cattle, *Iranian Journal of Applied Animal Science*, 2015, No. 5 (3), pp. 575–582.
14. Kalashnikova L.A., *DNK-tekhnologii otsenivayut sel'skokhozyaystvennykh zhivotnykh* (DNA technology evaluates farm animals), *Lesnye polyany: VNIIPlem*, 1999, 148 p.
15. Kalashnikova L.A., Khabibrakhmanova Ya.A., Pavlova I.Yu. i dr., *Rekomendatsii po genomnoy otsenka krupnogo rogatogo skota* (Recommendations for genomic evaluation of cattle), *Lesnye Polyany*, 2015, 33 p.
16. Kirilenko S.D., Glazko V.I., *Tsitologiya i genetika*, 1995, No. 6, pp. 60–62. (In Russ.)
17. Bartonova P., Vrtkova I., Kaplanova K., Urban T., Association between CSN3 and BCO2 gene polymorphisms and milk performance traits in the Czech Fleckvieh cattle breed, *Genet Mol Res*, 2012, No. 11, pp. 1058, DOI: 10.4238/2012.April.27.4.
18. Kochnev N., Goncharenko G., Mager S. et al., Genotyping of selection-significant polymorphisms of cattle of the Western Siberia, *Intern. Sci. and Pract. Conf. "Development of the Agro-Industrial Complex in the Context of Robotization and Digitalization of Production in Russia and Abroad"*, 2020, Vol. 222, pp. 03019.
19. Goncharenko G.M., Grishina N.B., Plakhina O.V., Gerasimchuk L.D., Bambukh V.I., Pankov E.A., Pankov S.A., *Sibirskiy vestnik sel'skokhozyaystvennoy nauki*, 2016, No. 4, pp. 44–53. (In Russ.)

Информация об авторах:

Г.Г. Джаксыбаева, магистр технических наук
Н.Н. Кочнев, доктор биологических наук

Contribution of the authors:

G.G. Jaxybayeva, Master of Technical Sciences
N.N. Kochnev, Doctor of Biological Sciences

Вклад авторов:

Все авторы сделали эквивалентный вклад в подготовку публикации.
Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.