

Уральский научно-исследовательский институт сельского хозяйства –
филиал федерального государственного бюджетного научного учреждения
«Уральский федеральный аграрный научно-исследовательский центр
Уральского отделения Российской академии наук»

На правах рукописи

Ярышкин Андрей Александрович

ПОЛИМОРФИЗМ ПО ЛОКУСАМ СОМАТОТРОПИНА И ЛЕПТИНА И ЕГО
СВЯЗЬ С ХОЗЯЙСТВЕННО-ПОЛЕЗНЫМИ ПРИЗНАКАМИ КРУПНОГО
РОГАТОГО СКОТА

4.2.5 – Разведение, селекция, генетика и биотехнология животных

ДИССЕРТАЦИЯ

на соискание ученой степени кандидата биологических наук

Научный руководитель:
доктор биологических наук
Ковалюк Наталья Викторовна

г. Екатеринбург – 2023г.

СОДЕРЖАНИЕ

1. ВВЕДЕНИЕ	3
2. ОСНОВНАЯ ЧАСТЬ	9
2.1. ОБЗОР ЛИТЕРАТУРЫ	9
2.1.1. История развития ДНК-технологий	9
2.1.2. ДНК-технологии в современном животноводстве	14
2.1.3. Полиморфизм гена соматотропина и его взаимосвязь с хозяйственно-полезными признаками	23
2.1.4. Полиморфизмы гена лептина и их взаимосвязь с хозяйственно-полезными признаками	26
2.1.5. Заключение по обзору литературы	29
2.2. РЕЗУЛЬТАТЫ СОБСТВЕННЫХ ИССЛЕДОВАНИЙ	31
2.2.1. Материал и методы исследований	32
2.2.2. Влияние R25C-полиморфизма гена лептина на хозяйственно-полезные признаки коров	40
2.2.3. Y7F- полиморфизм гена лептина	52
2.2.4. Взаимосвязь полиморфных вариантов гена лептина A80V и хозяйственно-полезных признаков коров	53
2.2.5. Полиморфизм гена соматотропина и его влияние на показатели хозяйственно-полезных признаков коров	63
2.2.6. Комплексные генотипы и их связь с хозяйственно-полезными признаками крупного рогатого скота	75
2.2.7. Экономическая эффективность селекции крупного рогатого скота по комплексным генотипам соматотропина и лептина	85
ВЫВОДЫ	88
ПРЕДЛОЖЕНИЯ ПРОИЗВОДСТВУ	90
ПЕРСПЕКТИВЫ ДАЛЬНЕЙШЕЙ РАЗРАБОТКИ ТЕМЫ	91
СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННОЙ ЛИТЕРАТУРЫ	92
ПРИЛОЖЕНИЕ А	114
ПРИЛОЖЕНИЕ Б	115

1. ВВЕДЕНИЕ

Актуальность темы исследования. Молочное скотоводство является важной отраслью в современном сельском хозяйстве (Н.В. Сивкин, 2007) [99]. В настоящее время в мире насчитывается около 1,5 млрд. голов крупного рогатого скота. Основная цель селекционной работы состоит в подборе пар животных, имеющих высокую племенную ценность для последующих скрещиваний, позволяющих в следующих поколениях животных добиться необходимого селекционного успеха (Н.В. Сивкин, 2011, С.Л. Гридина с соавт., 2018, Л.П. Игнатьева с соавт., 2019, О.С. Шаталина с соавт., 2021) [98, 26, 40, 130]. Поиск путей решения задачи, связанной с повышением экономической эффективности производства животноводческой продукции, является ключевым направлением для работников сельского хозяйства (С.Н. Ижболдина, Е.Н. Ефремова, 2005) [42].

Современные проблемы увеличения объемов производства продукции животноводческой продукции при значительных вложениях требуют совершенствования инновационных путей для использования генетических ресурсов животных (И. Ахатова, 2002, О.А. Тулинова, 2014, J.C.M. Dekkers, 2012, O.S. Shatalina et al, 2021) [5, 115, 155, 167]. Ключевую роль в этом процессе играют современные биотехнологии.

Современная биотехнология основывается на молекулярно-биологических методах, и при этом, занимает огромное положение в ветеринарных, зоотехнических и биологических исследованиях (Б. Глик, Дж. Пастернак, 2002, И.В. Ткаченко, 2014, Н.В. Ковалюк, Е.А. Гырнец, 2016) [21, 112, 48].

Последние годы основаны на изменении к подходам в улучшении и селекции домашних животных. Ранее исследования включали длительные наблюдения за показателями молочной продуктивности отдельных особей с целью выявления животных улучшателей и последующего использования их в селекции (Л.К. Эрнст с соавт., 1977) [136]. После внедрения ДНК-технологий и накопления материала по данным исследованиям стало возможным изучать всё разнообразие фе-

нотипических форм при оценке генотипов животных и связи генотипов с ген-маркерными признаками и выявлять желательные (Ю.П. Алтухов, Е. А. Салменкова, 2002, Б. Глик, Дж. Пастернак, 2002, В.И. Глазко с соавт., 2013) [2, 21, 20].

Степень разработанности темы. Увеличение обеспечения Свердловской области молоком и молочными продуктами определяет интенсивность поиска и дальнейшего использования генов кандидатов как маркеров молочной продуктивности.

Один из способов улучшения хозяйственно-ценных признаков крупного рогатого скота – исследование взаимосвязи полиморфизма генов соматотропина и лептина с уровнем молочной продуктивности и воспроизводства стад. Вопросами изучения генов соматотропина и лептина занимались И.В. Лазебная с соавт. (2011), Н.В. Ковалюк с соавт. (2015), И.С. Бейшова с соавт. (2017), Н.В. Макарова с соавт. (2018), О.В. Сычёва, Л.В. Кононова (2018) [67, 51, 11, 71, 109]. Учеными получены положительные данные о взаимосвязи полиморфизма генов соматотропина и лептина с показателями молочной продуктивности и репродукции (И.Ю. Долматова, А.Г. Ильясов, 2011, В. С. Грачев, А.С. Шуклина, 2014, И.В. Ткаченко, 2014, М.В. Позовникова с соавт., 2016, Ф.Ф. Зиннатова и Ф.Ф. Зиннатов с соавт., 2017, Н.В. Ковалюк с соавт., 2018) [31, 25, 112, 87, 36, 52].

Цель и задачи исследования. Целью данного исследования является определение генотипа животных по локусам соматотропина и лептина и его связи с хозяйственно-полезными признаками.

В задачи исследования входит:

1. Определить полиморфизм генов соматотропина и лептина у животных голштинизированной черно-пестрой породы крупного рогатого скота;
2. Изучить влияние полиморфизма генов на продуктивное долголетие крупного рогатого скота;
3. Определить взаимосвязь между полиморфизмом генов соматотропина и лептина и молочной продуктивностью коров;
4. Установить комплексные генотипы крупного рогатого скота;

5. Изучить влияние комплексных генотипов на хозяйственно-полезные признаки коров;

6. Рассчитать экономическую эффективность селекции коров по комплексным генотипам.

Научная новизна исследований. Впервые в Уральском регионе, на голштинизированной черно-пестрой породе крупного рогатого скота проведены исследования по определению полиморфизма животных по локусам соматотропина и лептина и их связи с хозяйственно-полезными признаками.

Исследована генетическая структура популяции черно-пестрого голштинизированного скота и дана оценка ее селекционной перспективности по генам LEP и GH. Изучена взаимосвязь полиморфизма изучаемых генов с хозяйственно-полезными характеристиками молочной продуктивности. Выявлены генотипы селекционно значимых аллелей генов LEP и GH для селекции молочного скота, направленных на увеличение удоев и сроков хозяйственно-полезного использования.

Теоретическая и практическая значимость работы. Полученные результаты добавляют новые знания о генофонде животных голштинизированной черно-пестрой породы. Исследование взаимосвязи генотипов соматотропина и лептина с хозяйственно-полезными признаками позволит увеличить молочную продуктивность, повысить скорость набора живой массы молодняком, увеличить продуктивное долголетие коров. Отбор и подбор животных с лучшими генетическими показателями позволит передать полезные хозяйственные признаки потомству, тем самым улучшив генофонд популяции.

Подбор ремонтного молодняка в сельскохозяйственных организациях с использованием маркерной селекции по гену соматотропина позволит увеличить удои коров на 30 % и увеличить скорость набора животными живой массы, необходимой для осеменения.

Сельскохозяйственная организация получит значительную прибыль от реализации дополнительного молока при сохранении прежнего уровня финансовых затрат на кормление, а также к увеличению поголовья племенного молодняка для реализации в другие сельскохозяйственные организации и получении прибыли в

380 руб./кг живого веса и к сокращению количества необходимого ремонтного молодняка для собственных нужд за счет увеличения продолжительности сроков хозяйственно-полезного использования уже имеющихся животных от 0,2 до 1,3 лактаций, отобранных с учетом наличия генотипа продуктивного долголетия.

Рост удоев за счет раскрытия генетического потенциала животных при том же уровне кормления способствует повышению рентабельности сельскохозяйственного производства. Так коровы носительницы генотипа LVRRAA по пожизненному удою могут превосходить носительниц генотипа LLCRAA (животные с наименьшим удоем и значительным распространением в выборке в АО «Каменское») на 7443 кг молока, что в свою очередь дает дополнительную прибыль в 208 460 рублей. В АО «Агрофирма «Патруши» носительницы генотипа LVRRAA по пожизненному удою могут превосходить носительниц генотипа LLRRAA (животные с наименьшим удоем и большим распространением в выборке) на 8312 кг молока, что способствует получению дополнительной прибыли в 232 736 рублей.

Так же получение дополнительной молочной продукции способствует более полному снабжению молочными продуктами населения Свердловской области, импортозамещению молочных продуктов и обеспечению продовольственной безопасности страны.

Связь темы с планом научных исследований.

Исследования выполнены в соответствии с государственным заданием по теме: «Изучить селекционно-генетические характеристики крупного рогатого скота Уральского региона с использованием биотехнологических методов в целях создания новых селекционных форм животных, обладающих высоким генетическим потенциалом молочной продуктивности, качества молока и продолжительности хозяйственного использования».

Полученные результаты исследований внедрены в производственную деятельность АО «Агрофирма «Патруши» и АО «Каменское» (Свердловская область) и подтверждены актами о внедрении научных разработок.

Материал и методы исследований. Исследование влияния генотипов соматотропина и лептина крупного рогатого скота на хозяйственно-полезные признаки проведено с помощью следующих методов:

Генетический – исследование генов соматотропина и лептина животных крупного рогатого скота проводилось в соответствии с протоколом фирмы НПК «Синтол» и рекомендациями С.В. Тюлькина с соавт. (2012);

Аналитический – проведен анализ показателей воспроизводства коров и молочной продуктивности голштинизированной черно-пестрой породы, взятых из программы АРМ Селэкс (молочный скот);

Статистический – биометрическая обработка результатов исследований выполнена при помощи программ IBM SPSS Statistics 23, Microsoft Excel, по методикам Е. К. Меркурьевой (1983) [75] рассчитаны средние величины (\bar{X}), ошибки средних (S_x), установлен критерий достоверности Стьюдента, проведен корреляционный анализ по Спирмену (r_s).

Степень достоверности и апробация результатов. Исследование выполнено согласно методике, утвержденной на заседании методического совета отдела животноводства и иммуногенетической экспертизы Уральского НИИСХ – филиала ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН на необходимом поголовье животных. Проведена биометрическая обработка результатов исследований с использованием общепринятых формул и получен высокий критерий достоверности. Результаты исследований согласуются с работами других авторами и экспериментальными результатами.

Основные положения и результаты исследований научного доклада доложены, обсуждены и одобрены на методических советах отдела животноводства Уральского НИИСХ – филиала ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН (2018, 2019, 2020 гг.), научно-практических конференциях молодых ученых: «Эколого-биологические проблемы использования природных ресурсов в сельском хозяйстве», Екатеринбург, 2018, 2019 гг.

Основные положения, выносимые на защиту:

- влияние генотипов соматотропина и лептина на молочную продуктивность коров (удой, МДЖ (массовая доля жира), МДБ (массовая доля белка));
- влияние генотипов соматотропина на возраст первого осеменения телок;
- влияние генотипов соматотропина и лептина на набор живой массы коров;

- влияние генотипов соматотропина и лептина на продолжительность хозяйственного использования;

- зависимость хозяйственно-ценных признаков коров от комплексных генотипов.

Публикация результатов исследований. По материалам исследований опубликовано 11 статей, из них 6 – в рецензируемых научных журналах, 2 – в журналах, входящих в базы данных Web of Science и Scopus, 3 – в сборниках научных конференций.

Объем и структура работы. Диссертация изложена на 114 страницах печатного текста, состоит из введения, обзора литературы, материалы и методов исследования, результатов собственных исследований, выводов, практических предложений. Список литературы включает 172 источника, в том числе 25 иностранных. Работа иллюстрирована 53 таблицами и 16 рисунками.

Личный вклад автора. Автором лично проведен подбор и анализ литературы, генетический анализ полиморфизма генов соматотропина и лептина, статистическая обработка данных о хозяйственно-полезных признаках крупного рогатого скота, выполнил все поставленные цели и задачи.

Благодарности. Выражаю благодарность своему научному руководителю Ковалюк Наталье Викторовне, сотрудникам отдела животноводства и иммуногенетической экспертизы и специалистам племенных организаций АО «Каменское» и АО «Агрофирма «Патруши».

2. ОСНОВНАЯ ЧАСТЬ

2.1. ОБЗОР ЛИТЕРАТУРЫ

2.1.1. История развития ДНК-технологий

При открытии в 1953 году Д. Уотсоном и Ф. Криком структуры ДНК как носителя наследственной информации всех живых существ, был описан принцип комплементарности, а также стал объясним и понятен механизм генетической наследственности, что впоследствии стало началом новой области в науке – ДНК-технологии (J.D. Watson, F.H.C. Crick, 1953) [169]. В настоящее время ДНК-технологии имеют огромное значение при определении достоверности происхождения животных методом микросателлитного анализа и позволяют изучать частоту генов, а также их взаимосвязь с хозяйственно-полезными признаками и используются повсеместно (О.С. Шаталина с соавт., 2016) [129].

При создании новых генных конструкций, ДНК-технологии основаны на искусственном копировании процессов, которые реально существуют в живом мире (А.В. Баранов с соавт., 2016, С.Д. Нурбаев с соавт., 2017, J. Weller, M. Ron, 2011) [9, 80, 170]. Исследователи используют методы, реализованные живыми организмами в природе – изменчивость, наследственность и отбор (М.А. Леонова с соавт., 2013, И.Ф. Горлов с соавт., 2015) [68, 24].

Основным вопросом увеличения эффективности процесса селекции является изучение факторов ограничения при формировании повышенной продуктивности и последующее их преодоление при помощи молекулярно-генетических маркеров, ДНК мониторинга и контроля селекционных процессов (Н. А. Зиновьева, Л. К. Эрнст, 2008,) [37]. Решение этой проблемы предполагает решение задач по изучению влияния локусов генома сельскохозяйственных животных на хозяйственные признаки и отбору маркеров, показавших связь с высокой продуктивностью MAS (Marker Assisted Selection) (R.L. Tellam, K.C. Worley, 2009) [168].

В молекулярной генетике произошел настоящий переворот после открытия, Кери Мюллисом с соавторами в 1986 году метода полимеразной цепной реакции,

за которую они были удостоены Нобелевской премии (R.K. Saiki et al, 1988) [164]. С тех пор наиболее значимым и удобным методом установления маркеров различных генов является полимеразная цепная реакция (E. Seroussi et al, 2010) [165]. Метод ПЦР заключается в способности специальных реактивов – ДНК-полимераз проводить направленный синтез комплементарной цепи ДНК, по матрице одноцепочной ДНК, наращивая маленькую олигонуклеотидную затравку (праймер), которая комплементарна участку данной матрицы, до размеров несколько тысяч, а иногда даже десятков тысяч звеньев (Р.Р. Вафин с соавт., 2008, В.В. Кожуховская, 2018) [15, 54]. ПЦР как метод возникла тогда, когда стали использовать термостабильную ДНК-полимеразу, выделенную из термофильных бактерий *Thermusaquaticus* (Taq), которые обитают в горячих источниках, а затем из массы действующих вулканов. Температурный режим работы фермента составляет 70-72°C (М.А. Леонова, 2013) [68].

Основой метода служит репликация – комплементарное достраивание ДНК на матрице материнской ДНК с использованием специфических ферментов ДНК-полимераз, данный метод является обычным биологическим процессом, происходящим во всех клетках (Б.М. Мальцева, 2001, Л.В. Харинова, 2014) [73, 120].

Для проведения этого метода нужны следующие компоненты:

- ДНК-матрица (ДНК или её часть, содержащая искомый специфический фрагмент);
- праймеры (синтетические олигонуклеотиды, включающие 20-30 п.н., комплементарные последовательностям ДНК на границах определённого специфического фрагмента);
- смесь дезоксинуклеотидтрифосфатов (dNTP), т. е. смесь четырёх dNTP, являющихся материалом для синтеза новых комплементарных цепей ДНК;
- фермент Taq-полимераза (термостабильная ДНК-полимераза, выделенная из термофильных бактерий *Thermisaquaticus*, катализирующая удлинение цепей праймеров путём последовательного присоединения нуклеотидных оснований к растущей цепи синтезируемой ДНК);

- буферный раствор (реакционная среда, содержащая ионы магния (Mg^{2+}), необходимые для поддержания активности фермента) (Н.А. Рябушкина, 2007, Е.А. Ряскова с соавт., 2008) [91, 92].

Полиморфизм длин рестрикционных фрагментов.

Мутации, которые появляются в участках узнавания некоторых рестриктаз, делают данные участки ДНК нечувствительными по отношению к действию ферментов. Это выявляется по изменению длины фрагментов рестрикции (В.Г. Горбунов с соавт., 2015, М.В. Никишина, 2007) [23, 78]. ПДРФ-анализ включает в себя следующие стадии:

- выделение геномной ДНК;
- рестрикция выделенной ДНК специфической эндонуклеазой;
- электрофоретическое разделение образовавшихся фрагментов;
- идентификация этих фрагментов

Для проведения ПЦР необходим амплификатор, в который устанавливаются пробирки с пробами ДНК и реакционной смесью, и запускают ранее установленную программу амплификации (копирования фрагментов ДНК) (Я.И. Алексеев с соавт., 2006, Г.П. Погосян, В.В. Протас, 2015) [1, 86]. Каждый цикл полимеразной цепной реакции включает три этапа. Вначале необходимо денатурировать ДНК, с этой целью реакционную смесь доводят до температуры 92-95°C, в следствие этого двухцепочные молекулы ДНК расплетаются на одноцепочные молекулы. На следующем этапе проходит отжиг праймеров (присоединение праймеров к ДНК-мишени с целью образования небольших двухцепочных участков ДНК, которые нужны для синтеза). С образованными комплексами праймер-матрицы соединяется ДНК-полимераза и на третьем этапе проходит единовременное копирование ДНК с двух праймеров, которые комплементарны противоположным участкам ДНК (А.А. Колотова с соавт., 2019, M. Bionaz et al, 2012) [55, 149].

Фрагменты ДНК, состоящие из двух нитей, будут одинаковы по длине и расстоянию между двумя праймерами, они начинают скапливаться после третьего цикла. Важно, что полученные после первого цикла полимеразной цепной реакции цепи ДНК будут служить матрицами для проведения второго цикла ампли-

фикации. Таким образом, начинается накопление ампликонов в реакционном растворе, постепенно многократно увеличиваясь (А.А. Сухинин с соавт., 2006, С.Г. Elsik et al, 2009) [107, 158].

Даже если в исходном растворе была только одна двухцепочная молекула ДНК, то за 30-40 циклов образуется столько молекул ампликона, что их концентрация становится 10-20 мкг/мл. Этой концентрации достаточно для полноценного визуального обнаружения ПЦР-продукта при прогоне методом электрофореза в агарозном или полиакриламидном геле (М.А. Леонова, 2013) [68].

Метод ПЦР условно можно разделить на два класса: амплификация при использовании неспецифических праймеров (RAPD-анализ или Random Amplified Polymorphic DNA) и амплификация со специфическими маркерами (Е.И. Кийко, 2011, Т.М. Рожнова с соавт., 2020) [46, 90].

Выявление и выделение эндонуклеаз рестрикции, расщепляющих ДНК в точно установленных участках, позволило создать маркеры на основе анализа рестриционного полиморфизма ДНК (ПДРФ, англ. RFLP – Restriction Fragment Length Polymorphism) (О.С. Антонова с соавт., 2011) [3].

На электрофореграмме без рестрикции виден один крупный фрагмент, соответствующий по длине последовательности ДНК между соседними участками рестрикции для той же эндонуклеазы. При успешной рестрикции на электрофореграмме будет виден меньший по размерам фрагмент, равный расстоянию между полиморфным участком рестрикции и одним из ближайших постоянных участков рестрикции (В.В. Кожуховская, 2018) [54].

Исследовать состояние полиморфного локуса возможно, проведя ПЦР и рестрикцию амплифицированного фрагмента. После обработки рестриктазой фрагмента амплификации его длина не изменится в том случае, если в исследуемой области ДНК отсутствует сайт узнавания. В случае если участок узнавания не изменён, при обработке рестриктазой появятся два фрагмента с общей длиной равной длине исходного фрагмента (Т.А. Луполова с соавт., 2020) [69].

Таким образом, ПЦР-ПДРФ в настоящее время является наиболее удобным методом и дает хорошие результаты при исследовании генетических маркеров

молочной продуктивности и функционального долголетия крупного рогатого скота.

В 1974 году метод ПДРФ впервые был использован для идентификации термочувствительной мутации в аденовирусном геноме. Более широкое применение полиморфизма ДНК как генетических маркеров появилось с 1980 г. после публикации работы Д. Ботштейна, в которой описаны свойства ПДРФ, предложено теоретическое обоснование для его дальнейшего использования и метод оценки информативности (D. Botstein et al., 1980) [151]. Метод ПДРФ практикуют использовать для проведения анализа полиморфизма конкретных локусов (генов). После начала использования ПДРФ были получены первые успешные результаты по построению молекулярно-генетических карт разнообразных видов растений и животных, накоплены обширные знания о генетическом полиморфизме живых организмов, выявлены взаимосвязи ассоциации с хозяйственно-полезными признаками (А.В. Бабий, 2015, А.А. Сухинин с соавт., 2016) [6, 108]. Главным достоинством этих маркеров являются значительная воспроизводимость результатов и кодоминантный тип наследования.

В настоящее время полимеразная цепная реакция – это один из наиболее совершенных методов диагностики в молекулярной биологии (О.В. Решетников с соавт., 2009, Д.А. Чемерис, с соавт., 2016, М.Т. Нургалиева с соавт., 2017) [89, 124, 81]. При оценке животных по генотипу крайне важно применение метода ПЦР-ПДРФ анализа, так как он имеет высокую чувствительность, быстроту, точность, и простоту выполнения (О.Л. Третьякова с соавт., 2013, А.Г. Дашковская с соавт., 2015, Н.В. Ковалюк, Е.А. Гырнец, 2016) [113, 27, 48].

ПЦР имеет несколько преимуществ. К ним относятся экономность в использовании ДНК, автоматичность процесса, легкость в выполнении, отсутствие использования радиоактивных меток для визуализации полиморфизмов (Н.Э. Кожухова, 1998, Е.И. Иванова, А.Г. Лепешков, 2014, А.Г. Дашковская с соавт., 2015) [53, 39, 28].

2.1.2. ДНК-технологии в современном животноводстве

Характеристика крупного рогатого скота голштинской породы

Голштинская порода появилась в США и Канаде из голландского черно-пестрого скота. Направленность селекции была в сторону увеличения удоев и живого веса, при этом меньше внимания уделялось жирномолочности. В результате был создан молочный тип черно-пестрого скота, масса которых сейчас достигает 650-700 кг (коровы), у быков – 900-1200 кг. (А.И. Слабкина, 1988) [103].

Данная порода имеет глубокое туловище, тонкий костяк, крепкую конституцию. Коровы возрастом пять лет имеют высоту в холке 140-145 см.

Значительным преимуществом голштинов является то, что 91 % отелов нетелей относится к категории «легкий отел» и проходит без помощи человека (Н.М. Костомахин, 2008) [60].

Показатели продуктивности голштинской породы отличаются в разных странах, в зависимости от цели их содержания, кормовых и климатических условий. В среднем эти показатели варьируются от 7000 кг до 10000 кг. Наиболее высоких показателей молочности добились в Израиле – свыше 10000 кг. Также в данной породе наблюдается много рекордисток: корова Бичер Арманда Эллен (США), с удоем 25248 кг, и корова Бризвуд Патен (США), имеющая удой 21546 кг (С.Н. Ижболдина, Е.Н. Ефремова, 2005) [42]. Однако у данной породы содержание жира в молоке не превышает 3,2 %, а содержание белка – трех процентов (Н.М. Косяченко с соавт., 2020) [63].

Молекулярно-генетические маркеры

Молекулярно-генетический маркер – это сложная система, представленная двумя факторами. Первый из них – это уникальная последовательность нуклеотидов, дающая возможность точно определить требуемый участок хромосомы. Вторым фактором – наличие вблизи от заданного участка хромосомы элемента внутривидового (или межвидового) полиморфизма (К.С. Корякина, Н.А. Чалова, 2019) [59].

Генетическим полиморфизмом являются изменения в последовательности нуклеотидов ДНК маркера, вызванные различными мутациями. Виды проявления генетического полиморфизма имеют название аллелей. Уровень полиморфизма конкретного локуса увеличивается с возрастанием числа аллелей. Наличие двух и более аллелей – это основная предпосылка для изучения локуса в качестве возможного генетического маркера (Н.М. Шарифуллина, И.А. Ахатова, 2004) [128].

Важнейшим условием использования молекулярно-генетических маркеров для селекции крупного рогатого скота с необходимыми чертами и свойствами является знание генетической зависимости признака (Е.Б. Шукюрова с соавт., 2008,) [134]. Это нужно в тех случаях, когда интересующий нас признак определяется группой генов, а не одним геном (Г.М. Джапаридзе, 2013) [29]. При этом, если данные гены не находятся в тесной связи друг с другом, то использование одного гена в качестве молекулярно-генетического маркера становится очень затруднительным. Однако, известно, что такие количественные гены являются связанными в «локусах количественного признака» (QTL), а также наследуются совместно, в результате чего их можно использовать как молекулярно-генетические маркеры (А.В. Коновалов с соавт., 2015) [57].

Молекулярно-генетические маркеры нашли широкое применение науке в таких направлениях как селекция, генетика, изучение механизмов эволюции, картирование хромосом и животноводстве (А.Я. Хабибрахманова, 2009) [119].

К тому же использование молекулярно-генетических маркеров развило методы контроля и локализации локусов, определяющих количественные и качественные признаки (И.В. Ткаченко, 2014) [112].

Таким образом, на большом количестве видов полиморфизма ДНК построено огромное множество молекулярных маркеров, необходимых для генетических исследований (Ю.П. Алтухов, Е.А. Салменкова, 2002) [2].

Однонуклеотидные замены или SNP (от английского Single Nucleotide Polymorphism).

SNP или точечные нуклеотидные замены (мутации) являются наиболее распространенным типом полиморфных маркеров и представляют собой замену одного нуклеотида на другой (Е. Seroussi et al, 2010) [165].

С точки зрения информативности можно разделить полиморфные маркеры на биаллельные (однонуклеотидные замены) и мультиаллельные (тандемные повторы и диспергированные системы) (И.Д. Арнаутковский с соавт., 2017, Н.М. Костомахин, А.В. Хованкина, 2017) [4, 61].

Частота встречаемости составляет один на тысячу пар оснований, при этом их суммарное количество в геноме коров огромно и достигает трех миллионов (по некоторым данным десяти миллионов). В соотношении биаллельных и триаллельных однонуклеотидных замен преобладают биаллельные, так как в процентах доля триаллельных достигает одной десятой процента. Поэтому SNP маркеры имеют низкий уровень полиморфизма и высокий эволюционный консерватизм (О.Б. Генджиева с соавт., 2012, А.Ф. Яковлев, 2014) [18, 139].

Однонуклеотидные замены, локализованные в кодирующих областях, делятся на две категории:

синонимичные – не несут за собой замены аминокислотного состава в кодируемых белках

несинонимичные – изменяют аминокислотный состав кодируемых белков.

Однонуклеотидные замены могут изменять промоторную активность, влиять на конформацию ДНК и пре-мРНК, определяя уровень транскрипции генов и эффективность сплайсинга (Т.И. Скопцова, О.В. Смирнова, 2017) [100].

Следующим типом маркеров являются повторяющиеся последовательности, имеющие большую степень полиморфизма. Эти повторяющиеся последовательности бывают подразделены на два класса: диспергированные повторы и тандемные повторы (Н.А. Зиновьева, Л.К. Эрнст, 2008) [37]. К диспергированным повторам относятся такие элементы как ретроэлементы SINE (short interspersed nuclear

elements; 90-500 п.н.), LINE (long interspersed nuclear elements) и LTR (long terminal repeats), которые содержат ретропозоны.

Тандемными повторами являются повторения в определённых последовательностях, ориентированных «голова к хвосту». Так как в одном локусе повторяется один и тот же мотив, данные последовательности имеют названия сателлитов.

Тандемные повторы являются самыми информативными генетическими маркерами сельскохозяйственных животных, так как количество тандемных повторов у разных животных в сателлитах значительно отличается (М.А. Елькина с соавт., 2011) [34].

В зависимости от длины повторяющихся участков их подразделяют на несколько классов:

- максисателлиты - общая длина повторяющихся последовательностей больше 5×10^5 п.н.;

- минисателлиты - общая длина фрагментов составляет от нескольких тысяч до 30 тысяч п.н. При этом длина мотивов варьирует от десяти до шестидесяти п.н.;

- микросателлиты - общая длина фрагмента, как правило, не превышает 350 п.н, а длина мотива составляет обычно от двух до шести п.н. Микросателлиты находятся как в транскрибируемых, так и нетранскрибируемых участках ДНК (Ю.А. Столповский, 2013, Е.К. Хлесткина, 2013) [105, 122].

Маркерная селекция набирает особую популярность в последние годы среди компаний агропромышленного комплекса (С.G. Elsik et all, 2009) [158]. Селекционеры изучают аллельные или мутантные гены, связанные с фенотипом сельскохозяйственных животных (В.И. Глазко с соавт., 2012) [19]. Большое внимание уделяется генам, отвечающим за формирование определенного признака. Маркерная селекция в отличие от классической позволяет оценить гены на уровне молекул и выбрать наилучшую комбинацию генов для последующего скрещивания (А.М. Наметов с соавт., 2018) [77].

Широко распространена геномная оценка крупного рогатого скота – выявление генома животного по ряду генов (Н.С. Юдин с соавт., 2015) [137]. Большинство фенотипических количественных признаков (QTL – quantitytradeloci) сельскохозяйственных животных являются результатом взаимодействия множества генов. Поэтому наиболее прогрессивным при поиске хозяйственно-полезных маркеров продуктивности является подход позиционного картирования, который позволяет одновременно видеть состояние большинства элементов генома, расположенных на всех хромосомах (М.И. Селионова с соавт., 2019, Скорых Л.Н. с соавт., 2020) [96, 102]. Маркерная селекция является одним из основных ДНК-направлений, которое имеет важное практическое значение для животноводства (П.Н. Харченко, В.И. Глазко, 2006) [121]. Активное внедрение ДНК-технологий в животноводство позволяет исследовать маркерные гены животных, контролирующие их физиологические функции. Генетическое тестирование на уровне ДНК позволяет исследовать животных любого пола и возраста с самого рождения (С.В. Тюлькин с соавт., 2012) [117].

Для развития животноводства на современном этапе необходимо внедрение методик оценки характеристик продуктивности сельскохозяйственных животных, которые основаны на анализе наследственной информации (А.В. Кузнецов, С. В. Щепкин, 2013) [64]. Большинство хозяйственно-полезных признаков сельскохозяйственных животных относятся к полигенным (А.В. Ильина с соавт., 2018) [41]. Крупный рогатый скот изучен в значительной мере при помощи молекулярно-генетических технологий (Б.Л. Зыбайлов, В.И. Глазко, 2012) [38]. Большое количество известных маркеров молочной продуктивности выявлено именно у коров. Многие эти маркеры наследуются сцеплено с признаками молочной продуктивности (Я.А. Хабибрахманова, 2009, Е.В. Егорашина, Р.В. Тамарова, 2016) [119, 33]. Молочная продуктивность зависит от огромного количества, с различным индивидуальным участием. Эти гены связаны функционально в блоки локусов количественных признаков (QTL) (М.И. Селионова с соавт., 2019) [96]. Разные комбинации полиморфизма генов будут неодинаково влиять на параметры молочной продуктивности коров. Для точного прогнозирования количественных

признаков нужно учитывать аллельное влияние разных генов. Основными белками молока являются казеины – 2,6 %, бета-лактоглобулин – 0,3 %. В появлении и функционировании лактации принимают участие такие гормоны как пролактин и соматотропин. Уровень выработки гормонов зависит от клеток гипоталамической области, которые выделяют стимулирующий рилизинг фактор – РГТ-1. Сильное влияние этих генов на уровень параметров молочной продуктивности послужило основанием для поиска взаимосвязей их генотипов с молочной продуктивностью (Н.С. Марзанов с соавт., 2006) [74].

Применение генетических маркеров локусов количественных признаков сельскохозяйственных животных открывает новые горизонты в селекции (С.Г. Исламова с соавт., 2007, В. Zhan et al, 2011, Н.М. Burrow, 2012) [43, 171, 152]. Проведение селекции с учетом генотипов животных имеет много преимуществ перед традиционными методами. Она не учитывает изменчивость хозяйственно-полезных признаков, вызванную внешней средой, позволяет вести селекцию на ранних этапах роста и развития независимо от пола животных, что в итоге, повышает эффективность хозяйственной деятельности (И.Ю. Долматова, С.Г. Исламова, 2004, А.А. Новиков с соавт., 2016) [32, 79].

В нашем исследовании однонуклеотидным заменам уделено особое внимание, так как именно к ним относятся генетические маркеры продуктивности и долголетия крупного рогатого скота.

Фактором, ограничивающим рентабельность производства, является продолжительность хозяйственного использования коров, поскольку оно оказывает огромное влияние на пожизненную молочную продуктивность, количество и состав приплода и, в конце концов, на улучшение стада, популяции и породы (В.В. Усенко, Л.И. Баюров, 2014) [135]. Продолжительность жизни представляет собой период от рождения до его естественной смерти животного. Обычно период хозяйственного использования маточного поголовья коров значительно меньше. Отсюда, маточное поголовье напрямую определяет эффективность молочного скотоводства (М.А. Часовщикова, 2018) [123]. Поэтому в современном животноводстве важное значение имеют высокопродуктивные коровы с продолжительным

сроком хозяйственно-полезного использования (А.И. Слабкина, 1988, В.А. Бекенев, 2019) [103, 12].

Переход животноводческой деятельности на промышленную технологию в конце двадцатого века требует более жестких условий отбора животных. Интенсивное использование молочного скота, к тому же, существенно уменьшило срок его эксплуатации, так как с возрастанием удоев молока происходит сокращение периода его продуктивного долголетия. В то время как в стаде с удоем в три тысячи кг до пятой лактации доживает каждая четвертая корова, в стаде с молочной продуктивностью более пяти тысяч кг до пятой лактации доживает только каждая десятая – двенадцатая корова. В стадах с удоями около четырех тысяч кг, коровы выше третьей лактации составляют не больше двадцати процентов от всего маточного поголовья, в связи с чем, средняя продолжительность продуктивного долголетия коров в молочных хозяйствах составляет две-три лактации. Такая ситуация не позволяет провести грамотную оценку их племенных качеств, вести полноценную селекционно-племенную работу, как в маточных стадах, так и в популяции коров в целом, и затрудняет накоплению желательного генофонда (М.И. Барашкин, 2015, Г.Н. Сердюк, 2015) [10, 97].

Вопросом снижения функционального долголетия в последние годы заинтересовались многие исследователи, однако, в их работах часто не учитывается, либо слабо учитывается, зависимость от молекулярно-генетических факторов. Исследования генов-маркеров, определяющих эти факторы, позволит, понять уровень их влияния на молочную продуктивность и функциональное долголетие, а, во-вторых, путем усиления или ослабления этих факторов, улучшить показатели признака (Н.Н. Климов, 2019) [47].

Исследования, проведенные в России и других странах, показали, что за последние годы произошло снижение сроков хозяйственного использования коров. Так, в Российской Федерации средний возраст коров всех пород в животноводческих хозяйствах в 2011 г. составил 2,92 отёла, а продолжительность хозяйственного использования составила 3,30 – 4,30 отёла (И.А. Скоркина с соавт., 2018)

[101]. В племязаводах и в племрепродукторах сроки хозяйственного использования коров составляют 2,73 и 2,93 отёла соответственно.

В субъектах Уральского региона средний возраст поголовья в отёлах – 2,71, то есть срок хозяйственного использования коров незначительный, что приводит к снижению эффективности молочного скотоводства. Наилучший показатель возраста в отёлах – 3,3 в Республике Башкортостан, 2,5 – в Удмуртской Республике, 2,6 – в Челябинской области и Пермском Крае, 2,5 – в Курганской и Свердловской областях, а самый низкий показатель в 2,3 отёла в Тюменской области (С.Л. Гридина с соавт., 2018) [26].

В Краснодарском крае в 2013 году средний возраст коров в стадах составил 2,26 отёла, данный показатель значительно ниже общероссийских показателей 2011 года. Это говорит о том, что показатели продуктивного долголетия коров продолжают снижаться. Кроме того часто коровы выбывают из стада с четвертой по шестую лактацию, в свой самый продуктивный пик (В.В. Усенко, Л.И. Баюров, 2014, О.В. Тулинова, 2016) [135, 116].

Генетический прогресс повышения молочной продуктивности является одним из основных факторов, наиболее сильно влияющих на сокращение продуктивного долголетия крупного рогатого скота (М.С. Косырева с соавт., 2006) [62]. Также следует отметить, что рентабельность использования коров в десять процентов при удоях в 8000 кг появляется только при пятой лактации. По этой причине выбраковка из стада коров, доживающих до сроков три-четыре лактации, составляет 30-34 %. В итоге стада состоят на 70-75 % из коров одной-двух лактаций и только на два процента – шести и более лактаций (В.С. Грачев, А.Ю. Шуклина, 2014) [25].

Экономическая эффективность от содержания коров с большими сроками продуктивного долголетия обуславливается меньшими затратами на замену маточного состава стада. Это объясняется тем, что при значительных объемах выбраковки коров резко снижаются воспроизводственные и селекционные возможности. Помимо этого, создание условий для быстрого и продуктивного роста и развития ремонтного молодняка требует значительных денежных вложений, что

отрицательно сказывается на всей экономике производства. Общеизвестно, что затраты на воспроизводство стада из всех расходов стоят на втором месте, после затрат на корма (А.И. Баранников с соавт., 2011) [8].

В европейских странах, например, Финляндии срок продуктивного долголетия коров составляет пять отелов. Это означает, что продолжительность хозяйственного использования животных влияет на рентабельность производства молока и молочных продуктов. Повысив срок хозяйственного использования поголовья коров, финское животноводческое хозяйство смогло уменьшить количество животноводческих комплексов с 25 до 10 тысяч, при этом, увеличив маточное поголовье коров, что представляет высокий уровень рентабельности молочного животноводства (Е.В. Тележенко, 2014, В.И. Трухачев с соавт., 2016) [110, 114].

Таким образом, можно сделать вывод о положительном влиянии функционального долголетия на пожизненные надои. В совокупности, выше описанные факторы экономики демонстрируют целесообразность решения проблемы увеличения продолжительности хозяйственного использования и продуктивности крупного рогатого скота (О.В. Тулинова, 2014) [115].

Достижения современной молекулярной генетики способствуют изучению генов, ассоциированных с полезными признаками продуктивности крупного рогатого скота. В последние годы большое влияние на оценку генома животных оказывают молекулярно-генетические методы, входящие в биотехнологическую систему биотехнологии. Определение полиморфизма генов способствует изучению наследственности на уровне ДНК (А.А. Ярышкин 2018, К.С. Питерова с соавт., 2018) [148, 84]. Увеличить продолжительность хозяйственного использования крупного рогатого скота позволит поиск генетических маркеров функционального долголетия и изучение связи SNP-маркеров и продуктивного долголетия животных (П.С. Катмаков, Н.М. Кузьмина, 2007) [45].

У крупного рогатого скота различных пород установлен значительный набор аллелей, которые представляют интерес для MAS-селекции как генетические маркеры хозяйственно-ценных признаков (И.В. Лазебная с соавт., 2012, D.G. Lemaу et all, 2009) [66, 161]. В литературе представлено много данных о том, что

некоторые полиморфные варианты генов связаны с возрастанием потенциала мясной и молочной продуктивности коров (И.В. Ткаченко, 2014) [112]. К таким маркерам относятся аллельные варианты гена гормона роста и другие гены, отвечающие за проявление количественных признаков (И.В. Лазебная с соавт., 2012, А.А. Ярышкин 2018) [66, 148].

Для дальнейшего развития молочного животноводства, необходимо обеспечить достоверность происхождения животных, что важно для селекции, определять наличие ценнейших вариантов генов, связанных с селекционируемыми признаками, и, наконец, исключить из стад животных с вредными мутациями, находящимися в гетерозиготном состоянии, наличие которых невозможно определить по фенотипу. А это играет важную роль в условиях крупномасштабной селекции, когда один бык приносит в стада тысячи потомков (Г.В. Максимов с соавт., 2018, Ю.М. Смирнова, 2020, А.А. Шестерненко, А.С. Мощанец, 2020) [72, 104, 132].

2.1.3. Полиморфизмы гена соматотропина и его взаимосвязь с хозяйственно-полезными признаками

Гормон роста (GH) – существенный регулятор соматического роста животных, обладающий лактогенным и жиромобилизующим действием (И.В. Лазебная с соавт., 2011, Р.А. Кулибаба, 2015, В.А. Погодаев с соавт., 2019, N. El-halawany et al, 2019) [67, 65, 85, 157]. У крупного рогатого скота ген гормона роста локализован на 19-й хромосоме и состоит из четырёх интронов и пяти экзонов (О.В. Сычёва, Л.В. Кононова, 2018) [109].

Соматотропин – один из главных регуляторов развития млекопитающих. Гормон роста у всех видов млекопитающих представляет собой одиночный пептид (Г.Т. Бобрышова с соавт., 2019) [13].

Гормон роста (GH), относится к семейству белковых гормонов, обладающих значительной гомологией последовательностей. Его молекулы у разных видов

насчитывают 190-199 аминокислотных остатков (А.А. Ярышкин 2018, А.А. Оздемиров с соавт., 2020) [148, 82].

Гормон роста участвует в инициации и поддержании лактации у млекопитающих. Исследования показали наличие взаимосвязи полиморфных гена соматотропина с большим уровнем жирности и обильномолочности молока, а также с возрастанием содержания белка в молоке (Е.С. Большакова, Е.В. Хозикова, 2020) [14].

Основными рестриктазами при изучении соматотропина являются *HinFI*, *AluI*, *SspI* и *SnaBI* (И.С. Бейшова с соавт., 2017) [11]. *AluI* рестрикционный полиморфизм в пятом экзоне гена связан с трансверсией С-Г, приводящей к замене в белковом продукте гена аминокислоты лейцин на аминокислоту валин (Leu на Val, 127 позиция) (Л.Н. Чижова с соавт., 2017, F.G. Gooki et al, 2019) [126, 154].

LV-полиморфизм гена соматотропина имеет три генотипа: LL, LV и VV. Большинство животных крупного рогатого скота (около 90 %) имеют генотип LL, около 10 % – LV, VV встречается у единичных животных (Н.В. Макарова с соавт., 2018) [71]. При этом отмечены высокие удои, большое содержание жира и белка в молоке от коров, имеющие генотип VV, по четвертому экзону гена гормона роста. Жирность молока коров с генотипом LL выше, чем сверстниц с другими генотипами (И.Ю. Долматова, А.Г. Ильясов, 2011) [31]. По гену GH число животных с гомозиготным генотипом LL значительно превышает количество коров с генотипом VV. Разница между удоем коров с генотипом LL и LV и VV составила +600-700 кг, выходом молочного белка – +21-22 кг, молочного жира +0,2-0,25 % (М.В. Позовникова с соавт., 2016) [87]. В исследованиях Ю. Р. Юльметьевой, Ш. К. Шакирова (2017) [138] генотип VV является наиболее желательным для развития живой массы, разница составила +51 кг. Также отмечено, что генотип VV коррелирует с энергией роста (Л.В. Кононова с соавт., 2018) [58].

В ходе проведенных исследований установлено, что гомозиготный генотип VV коррелирует с высокой массовой долей жира и белка в молоке, а также скоростью набора живой массы, а генотип LL связан с обильномолочностью. В двух из трех изученных выборок крупного рогатого скота наблюдается доминирование по уровню удоя коров с генотипом VV над коровами с генотипом LL, причем в вы-

борке коров голштинизированной черно-пестрой породы разница достоверна ($P \leq 0,05$). У коров холмогорской породы наблюдается превышение удоев коров с генотипом LL над удоем животных-носителей генотипа LV по массовой доле жира и белка в молоке ($P \leq 0,01$). У коров трех пород-носительниц генотипа LL удой по первой лактации был ниже ($P \leq 0,05$). Достоверных различий между уровнем удоя животных с генотипами LV и VV не установлено. Одинаковые показатели удоя гетерозиготных (LV генотип) и гомозиготных (VV генотип) животных могут быть обусловлены полным доминированием V-аллеля над L-аллелем (Л.А. Калашникова с соавт., 2009, И.Е. Багаль с соавт., 2015) [44, 7].

Животные черно-пестрой породы с генотипом LV имеют более высокие показатели по обильномолочности и массовой доле белка в молоке по сравнению с животными генотипа VV, а животные с генотипом LL показывают высокий показатель массовой доли жира. Частота генотипов LL составила 66,7 %, LV – 33 % (Я.А. Хабибрахманова, 2009, И.В. Лазебная с соавт., 2012) [119, 66].

Рядом учёных (И.Ю. Долматова, Ф.Р. Валитов, 2015, Г.М. Гончаренко, 2020) [30, 22] установлена связь различных полиморфных вариантов гена GH с такими хозяйственно-полезными признаками КРС как рост и развитие, молочная продуктивность (удой, содержание жира и белка в молоке).

В литературе описано несколько мутаций гена гормона роста. В ряде различных исследований выявлено влияние аллеля Msp1 (-) гена соматропина на массовую долю жира и белка в молоке коров различных пород (И.В. Лазебная с соавт. 2011) [67].

Следует отметить, что наличие аллеля Msp1 (-) у конкретного животного оказывает положительное влияние на уровень молочной продуктивности и снижает количество соматических клеток молока. При этом, имеются данные, что эта мутация не оказывает влияние на уровень жира в молоке коров голштинской породы. Высокое содержание молочного белка отмечено у коров, имеющих аллель Msp1 (-), оно составило 3,1 %. Наибольшая массовая доля белка обнаружена у коров, гомозиготных по аллелю Msp1 (-). По удою и содержанию жира не выявлено различий между животными в зависимости от наличия/отсутствия аллеля Msp1. Полученные данные позволили сделать исследователям вывод о том, что аллель Msp1(-) в интроне III гена гормона соматотропина можно рассматривать в каче-

стве возможного маркера массовой доли белка в молоке черно-пестрых коров (Я.А. Хабибрахманова, 2009) [119].

А.А. Шариповым с соавт. (2015) [127] установлено влияние полиморфизмов гена соматотропина на убойные и технологические показатели туш крупного рогатого скота лимузинской породы.

2.1.4. Полиморфизмы гена лептина и их взаимосвязь с хозяйственно-полезными признаками

Ген лептина (LEP): R25C, A80V, Y7F считается геном-маркером (Н.В. Ковалюк с соавт., 2015) [51]. Ген лептина кодирует белок, длина которого составляет 167 аминокислот, и в основном, синтезируется в белой жировой ткани (А.А. Ярышкин, 2018) [148]. Ген лептина, ранее известный как ген ожирения, был впервые описан у мышей с помощью позиционного клонирования и показано, что он имеется у различных видов позвоночных, включая крупный рогатый скот. Если говорить о структуре гена лептина то, у крупного рогатого скота, ген лептина расположен в 4 хромосоме (ВТА 4) и состоит из трех экзонов, один из которых не транслируется. Только два экзона кодируют последовательность аминокислот белка лептина (О.В. Сычёва, Л.В. Кононова, 2018, Э.Р. Гайнутдинова с соавт., 2021) [109, 16]. В кодирующую область гена лептина (ее длина составляет 501 п.н.) входит второй и третий экзоны, которые разделены интроном с протяжённостью примерно 2 кб. Область промотора составляет около 3 кб (Е.Н. Рачкова с соавт., 2016, В.Л. Ялуга с соавт., 2018) [88, 142].

Интересующие нас однонуклеотидные полиморфизмы расположены в разных зонах гена лептина.

Структура белка лептина и его физиологические функции

Лептин является глобулярным белком, синтезируемым жировой тканью. Молекула лептина (16 кДа) состоит из 167 аминокислот с N-концевой секретор-

ной сигнальной последовательностью из 21 аминокислот. Относится к цитокинам – сигнальным белкам. Молекула лептина имеет четыре спиральные цепи с пятью-шестью полными оборотами. Основная физиологическая роль лептина заключается в снижении синтеза биологических молекул способных в ходе реакций накапливать и передавать энергию и повышении затрат энергии. Его механизм действия заключается в передаче в гипоталамус информации о жировом обмене и массе тела. Взаимодействие лептина со специфическими рецепторами, расположенными в гипоталамической области активирует выработку нервных импульсов, направленных в участки головного мозга, ответственные за регуляцию аппетита. Кроме того, действие лептина стимулирует симпатическую нервную систему, что в свою очередь ведёт к повышению артериального давления, частоты сердечных сокращений и процессов термогенеза, путём разобщения процессов окисления (клеточного дыхания) и фосфорилирования (синтез молекул АТФ) в митохондриях белой жировой ткани (Т.Г. Опенко, 2010, Е.В. Ткаченко, Г.Г. Варванина, 2013) [83, 111]. В результате этих процессов большое количество энергии, которое запасается в жировой ткани в виде липидов, может быть преобразовано в тепло. Лептин также называют гормоном насыщения. Считается, что он действует на гипоталамус, блокируя синтез и высвобождение нейропептида Y, вызывающего чувство голода (Н.А. Мазаева, 2008, Г.О. Шуклин с соавт., 2019, S. Dornbush, N.R. Aeddula, 2018) [70, 133, 156].

Лептин может действовать как на уровне гипоталамуса, так и на уровне периферических тканей, например, гонадных тканей. Так было замечено, что у крупного рогатого скота лептин непосредственно влиял на стероидогенез яичников. Таким образом, лептин – регулятор энергетического баланса (Л.Н. Чиждова с соавт., 2017) [125].

Выделяют несколько ролей лептина у млекопитающих, значимая часть которых связана с контролем общего пищевого поведения и баланса энергии. Однако, существует теория, что этот белок также играет важную роль в таких биологических процессах как иммунные реакции и регулирование воспроизводства. Леп-

тин секретируется в кровотоки и влияет на синтез посредников в гипоталамусе, регулирующих пищевое поведение (Н.Ю. Сафина, 2017) [94].

Так как у гена лептина имеется с много биологических ролей, крайне необходимо его исследование у сельскохозяйственных животных, в частности крупного рогатого скота (Л.И. Якушева с соавт., 2019) [141]. Путем выявления значения гена лептина, можно получить лучшее понимание экономически важных процессов в животноводстве. Такие процессы включают в себя прямое и косвенное влияние гена, как на пищевое поведение, так и на мясную и молочную продуктивность (Н.В. Ковалюк с соавт., 2014, Н.Ю. Сафина с соавт., 2018, А.А. Ярышкин, 2018) [50, 93, 148].

В гене лептина было определено несколько полиморфизмов. Эти полиморфизмы находятся в интронах и экзонах гена, а также в его промоторной области. Установлено что SNP R25C помимо влияния на функциональное долголетие, также влияет на содержание жира и белка в молоке, на легкость отелов и гестацию (J.L. Lusk., 2007, A. Sharifzadeh, A. Doosti, 2012) [162, 166]. SNP Y7F в значительной степени коррелирует с увеличением массы тела скота, и снижением массовой доли белка в молоке. Также установлена связь полиморфизма Y7F с увеличением массы тела, снижением надоя, SNP A80V связан со снижением выживаемости в стаде (Т.М. Комендант с соавт., 2017) [56].

Н.А. Морковкиной с соавт. (2017) [76] выявлена высокая частота встречаемости генотипа СС (42 %) по локусу R25C, сокращающего продолжительность продуктивного долголетия коров. При изучении Ф.Ф. Зиннатовым с соавт. (2017) [35] генотипов лептина СС, СТ и ТТ, установлено, что генотип СТ сопряжен с максимальным выходом молочного жира из трех генотипов, а аллель СС сопряжен с высоким удоем – на 500 кг больше, чем у носительниц ТТ. В исследованиях Н.Ю. Сафиной (2018) [95], наоборот, генотип ТТ сопряжен с лучшими показателями молочной продуктивности, чем другие. А.И. Ганджа с соавт. (2017) [17] исследованы частота встречаемости генотипов АА, АВ и ВВ гена лептина и взаимосвязь с молочной продуктивностью. Выявлено, что частота встречаемости генотипа АА составляет больше 50 %, а генотипа ВВ – только 10 %. Также коровы-

носительницы генотипа ВВ превосходили носительниц АА по выходу молочного белка на 7-8 %.

Некоторые полиморфизмы лептина (R25C и Y7F) связаны с энергетически затратными процессами лактогенеза. Только SNP Y7F в отличие от R25C обуславливает накопление энергии. В. С. Грачевым, А.С. Шуклиной (2014) [25] выявлена взаимосвязь между генотипами лептина и продолжительностью продуктивного долголетия коров. Аналогичные исследования проведены А.Ф. Яковлевым с соавт. (2014) [140]. Также была доказана взаимосвязь между полиморфизмами гена лептина и сложностью отела, протеканием беременности и перинатальной смертностью телят. Кроме влияния LEP-генотипа на функциональное долголетие от него также зависит пищевое поведение, энергетический обмен. Возможно, он влияет на функционирование иммунной системы и репродуктивную функцию, а также на конституцию и рост животных (Н.В. Ковалюк, Е.А. Гырнец, 2016) [48].

Ген лептина – высокополиморфный ген. В нем, кроме интересующих нас SNP-полиморфизмов, расположены еще около шестидесяти однонуклеотидных замен. Причем, большинство из них расположено в интронных областях, что снижает их влияние на конформацию, аминокислотный состав и функцию белка лептина. Рассматриваемые нами SNP-полиморфизмы расположены в кодирующих областях гена. Была показана связь между полиморфизмом A80V и функциональным долголетием, и молочной продуктивностью животных.

Таким образом, для исследования SNP полиморфизмов генов методом ПЦР-ПДРФ необходимо знать их структуру, а также место локализации полиморфизмов.

2.1.5. Заключение по обзору литературы

Современные ДНК-технологии в животноводстве, используют для:

- селекции с помощью молекулярно-генетических маркеров MAS, предусматривающую маркирование главных количественных признаков – QTL;
- сохранения биоразнообразия с использованием молекулярно-генетических маркеров;

- разработки генетически обоснованных программ разведения и подбора родительских форм;
- молекулярно-генетического скрининга наследственных заболеваний сельскохозяйственных животных.

Аналогичные исследования в области молочного животноводства позволили найти связь полиморфных вариантов молочных белков с признаками молочной продуктивности, составом молока и его технологическими свойствами (L. Flori et al., 2009)[159]. Современные ДНК-технологии позволяют идентифицировать генотипы молочных белков не только у лактирующих коров, как это было ранее, но и у производителей и молодняка (Г.В. Филипенкова с соавт., 2017) [118]. Таким образом, при генотипировании пород крупного рогатого скота молочного и двойного направлений продуктивности по полиморфным вариантам генам, связанным с показателями молочной продуктивности, установлена яркая межпородная дифференциация по частотам встречаемости «молочных» генотипов: статистически достоверна большая распространенность молочных пород по сравнению с породами двойного направления продуктивности (Н.В. Ковалюк с соавт., 2015) [51]. Аналогичные результаты были представлены в работах зарубежных исследователей по использованию множественного генотипирования по SNP для выявления полиморфных вариантов генов, связанных с показателями молочной продуктивности у трех французских специализированных молочных пород (M. Bionaz, J.J. Looor, 2008, L. Giblin, 2010, R. Kalendar et al., 2011, L.D. Pedersen et. al., 2012) [150, 153, 160, 163].

Анализ материалов о проведенных исследованиях и их результатах показывает потенциальную значимость ДНК-генотипирования в животноводстве с помощью метода ПЦР для интенсификации селекционного процесса. Эта технология позволит проводить генетическое моделирование будущего потомства с желательными генотипами и, соответственно, прогнозируемой продуктивностью, устойчивостью к заболеваниям. С помощью ДНК-технологий можно формировать специализированные линии для получения племенных животных с гомозиготным генотипом (для 100 % наследования желательного генотипа).

2.2. РЕЗУЛЬТАТЫ СОБСТВЕННЫХ ИССЛЕДОВАНИЙ

Проведённые исследования и анализ полученных результатов позволили получить новые данные, которые были опубликованы в следующих работах автора:

Основные публикации в журналах ВАК Минобрнауки РФ и работы к ним приравненные:

1. **Ярышкин А.А.** Влияние полиморфных вариантов гена соматотропина на молочную продуктивность // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. 2019. № 6 (80). С. 279-291.
2. **Ярышкин А.А.** Зависимость продуктивного долголетия коров от полиморфизма гена соматотропина // Актуальные вопросы ветеринарной биологии. 2020. № 1 (45). С. 9-11.
3. **Ярышкин А.А., Шаталина О.С., Лешонок О.И.** Ассоциации полиморфных вариантов гена соматотропина с хозяйственно-ценными показателями коров // Известия Тимирязевской сельскохозяйственной академии. 2021. № 2. С. 60-70.
4. Шаталина О.С., Ткаченко И.В., **Ярышкин А.А.** Генетическая структура популяции голштинизированного черно-пестрого скота по микросателлитным локусам // Генетика. 2021. Т. 57. № 2. С. 205-213.
5. **Ярышкин А.А., Шаталина О.С., Лешонок О.И., Ковалюк Н.В.** Влияние полиморфизма гена лептина на хозяйственно-полезные признаки крупного рогатого скота // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. 2022. № 1 (93). С. 260-264.
6. **Ярышкин А.А., Шаталина О.С., Ткаченко И. В., Лешонок О.И.** Ассоциации полиморфизма гена соматотропина (GH) с показателями молочной продуктивности коров // Сибирский вестник сельскохозяйственной науки. – 2023. – Т. 53, № 4. – С. 107-113.

Публикации в журналах, индексируемых Web of Science и Scopus:

7. **Yaryshkin A.A.**, Tkachenko I.V., Leshonok O.I. Correlation between the age of heifers' first successful insemination and LV-poliformism of somatotropin gene // *Reproduction in Domestic Animals*. 2019. Т. 54. № S 3. С. 101.
8. Shatalina O.S., Tkachenko I.V., **Yaryshkin A.A.** Genetic structure of the population of holstein black-and-white cattle by microsatellite loci // *Russian Journal of Genetics*. 2021. Т. 57. № 2. С.196-203.

Публикации в других изданиях

9. **Ярышкин А.А.**, Ткаченко И.В., Шаталина О.С. Ген соматотропина как маркер молочной продуктивности // *Сборник трудов конференции «Эколого-биологические проблемы использования природных ресурсов в сельском хозяйстве»*. 2015. С. 190-194.
10. **Ярышкин А.А.** Соматотропин и лептин и их связь с хозяйственно-полезными признаками крупного рогатого скота // *Сборник трудов конференции «Эколого-биологические проблемы использования природных ресурсов в сельском хозяйстве»*. 2018. С. 317-322.
11. Шаталина О.С., **Ярышкин А.А.** Влияние геновариантов соматотропина на молочную продуктивность коров // *Сборник тезисов докладов 19-ой Всероссийской конференции молодых учёных, посвященной памяти академика РАСХН Георгия Сергеевича Муромцева «Биотехнология в растениеводстве, животноводстве и сельскохозяйственной микробиологии»*. 2019. С. 151-152.

2.2.1. Материал и методы исследований

Условия проведения опыта. Исследование проведено в отделе животноводства и иммуногенетической экспертизы Уральского НИИСХ – филиала ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН.

Объектом исследования являлись коровы голштинизированного черно-пестрого скота третьей лактации и старше, принадлежащие сельскохозяйственным предприятиям Свердловской области АО «Каменское» (93 головы) и АО «Агрофирма «Патруши» (60 голов) (Рисунок 1). Изучены полиморфизмы: гена лептина, гена соматотропина и комплексные генотипы, определенные с помощью ПЦР-ПДРФ анализа.

Лабораторные исследования. Выделение ДНК проводили согласно протоколу фирмы «Синтол»:

Протокол выделения ДНК:

1. Внесение образца крови

1.1. Маркером нумеровали необходимое количество пробирок объемом 1,5 мл в соответствии с количеством анализируемых проб. Во все пробирки вносили по 300 мкл цельной крови.

2. Лизис эритроцитов

2.1. В каждую пробирку вносили 900 мкл Лизирующего раствора 1 (№1). Перемешивали содержимое переворачиванием (8-10 раз). Смесь инкубировали при комнатной температуре в течение 10 мин, переворачивая пробирки 8-10 раз через каждые 2 минуты.

2.2. Центрифугировали смесь 2 мин при 13 000 об/мин.

2.3. Удаляли супернатант над видимым осадком лейкоцитов. Ресуспендировали клетки в надосадочной жидкости на вортексе.

3. Лизис ядер клеток

3.1. Добавляли в пробирки по 300 мкл Лизирующего раствора 2 (№2) и перемешивали пипетированием или на вортексе.

3.2. Смесь инкубировали при комнатной температуре в течение 10 мин. для лизиса клеток. Затем остужали пробирки во льду 1 мин.

4. Осаждение ДНК

К лизату добавляли 100 мкл Осаждающего раствора 1 (№3). Перемешивали содержимое пробирок на вортексе до появления хлопьев. Если не происходило активного помутнения и образования хлопьев, остужали пробирки во льду 1 мин.

4.2. Центрифугировали смесь при 13 000 об/мин. в течение 2 мин.

4.3. Супернатант, содержащий ДНК, переносили в полном объеме в чистую 1.5 мл пробирку. Добавляли 300 мкл Осаждающего раствора 2 (№4) и перемешивали переворачиванием (10-12 раз) до появления видимого осадка ДНК.

4.4. Центрифугировали смесь при 13 000 об/мин. 2 мин. Осторожно удаляли супернатант.

5. Промывка и растворение ДНК

5.1. Добавляли 400 мкл Промывочного раствора (№5) и перемешивали несколько раз переворачиванием, промывая ДНК.

5.2. Центрифугировали 2 мин при 13 000 об/мин. Осторожно удаляли супернатант.

5.3. Открытые пробирки сушили на воздухе или при 37 °С до полного испарения спирта (60 минут).

5.4. Добавляли к осадку 100 мкл Элюирующего раствора (№6). Перемешивали и прогревали на термостате «Термит» при 65 °С 5 мин. для растворения ДНК.

5.5. Полученный раствор ДНК хранили при -20 °С.

Изучены три полиморфизма (A80V, Y7F, R25C) гена лептина (LEP).

Реакционная смесь для проведения ПЦР-ПДРФ для SNP A80V была объемом 20 мкл и включала в себя 10×SE-буфер – 2 мкл, dNTP – 2,5 мкл, прямые и обратные праймеры – 0,6 мкл, Taq ДНК полимеразу – 0,7 мкл, деионизированную воду – 9,6 мкл и 4 мкл ДНК.

Для амплификации фрагментов генов лептина A80V использовали следующие праймеры:

A80V F: CAAGCAGGAAATAGGGAGTCATGG

A80V R: CTGGTGAGGATCTGTTGGTAGGTC

Размер ПЦР продукта 424 п.н.

Программа для ПЦР-ПДРФ генов лептина A80V: шаг 1 – 95°С – 3,5 мин, шаг 2 – 95°С – 30с, 65°С – 20с и 72°С – 30 с, количество циклов 27.

Затем следовал этап подготовки рестрикционной смеси объемом 20 мкл. В неё входят: амплификат – 5 мкл, буфер для рестрикции – 2 мкл, рестриктаза PspEI – 0,2 мкл, вода деионизированная – 12,8 мкл.

Рестрикционную смесь по полиморфизмам A80V выдерживали в термостате при температуре 37°C в течение 3-х часов.

В дальнейшем вносили продукты рестрикции с красителем в лунки 3 % агарозного геля и помещали в камеру горизонтального электрофореза на 1 час с напряжением 100V. Результаты оценивали при помощи трансиллюминатора Gel Doc (BioRad).

Реакционная смесь для проведения ПЦР-ПДРФ реакции для SNP R25C была объемом 26,8 мкл и включала в себя 10×SE-буфер – 4 мкл, dNTP – 5 мкл, прямые и обратные праймеры – 1,4 мкл, Taq ДНК полимеразу – 1,4 мкл, деионизированную воду – 9,6 мкл и 4 мкл ДНК.

Для амплификации фрагментов генов лептина R25C использовали следующие праймеры:

R25C F: CCAGGGAGTGCCTTTCATTA

R25C R: GGTGTCATCCTGGACCTTCC

Размер ПЦР продукта 305 п.н.

Программа для ПЦР-ПДРФ генов лептина R25C: шаг 1– 95°C – 3,5 мин, шаг 2 – 95°C – 30с, 65°C – 20с и 72°C – 30 с, количество циклов 32.

Затем следовал этап подготовки рестрикционной смеси объемом 20 мкл. В неё входят: амплификат – 5 мкл, буфер для рестрикции – 2 мкл, рестриктаза Bsp13I – 0,2 мкл, вода деионизированная – 12,8 мкл.

Рестрикционную смесь по полиморфизму R25C выдерживали в термостате при температуре 50° С в течение 3-х часов. В дальнейшем вносили продукты рестрикции с красителем в лунки 3 % агарозного геля и помещали в камеру горизонтального электрофореза на 1 час с напряжением 100V. Результаты оценивали при помощи трансиллюминатора Gel Doc.

Реакционная смесь для проведения ПЦР-ПДРФ реакции для SNP Y7F была объемом 20 мкл и включала в себя 10×SE-буфер – 2 мкл, dNTP – 2.5 мкл, прямые

и обратные праймеры – 0,6 мкл, Taq ДНК полимеразу – 0,7 мкл, деионизированную воду – 9,6 мкл и 4 мкл ДНК.

Для амплификации фрагментов генов лептина Y7F использовали следующие праймеры:

Y7F F: CTGCGTGGTCTACAGCACCCCTC

Y7F R: AGGGCCAAAGCCACGGATTCTGA

Размер ПЦР продукта 310 п.н.

Программа для ПЦР-ПДРФ генов лептина Y7F: шаг 1– 95°C – 3,5 мин, шаг 2 – 95°C – 30с, 65°C – 20с и 72°C – 30 с, количество циклов 27.

Затем следовал этап подготовки рестрикционной смеси объемом 20 мкл. В неё входят: амплификат – 5 мкл, буфер для рестрикции – 2 мкл, рестриктаза Bpu14I – 0,2 мкл, вода деионизированная – 12,8 мкл.

Рестрикционную смесь по полиморфизмам Y7F выдерживали в термостате при температуре 37°C в течение 3-х часов.

В дальнейшем вносили продукты рестрикции с красителем в лунки 3 % агарозного геля и помещали в камеру горизонтального электрофореза на 1 час с напряжением 100V. Результаты оценивали при помощи трансиллюминатора Gel Doc.

Также в ходе исследования изучен полиморфизм (LV) гена соматотропина (GH), определенный с помощью ПЦР-ПДРФ анализа.

Для амплификации фрагментов гена соматотропина LV использовали следующие праймеры:

GH5F: 5'-GCT-GCT-CCT-GAG-GGC-CCT-TC-3'

GH5R: 5'-CAT-GAC-CCT-CAG-GTA-CGT-CTC-CG-3'

Реакционная смесь для проведения ПЦР-ПДРФ, объемом 25 мкл включала в себя 10×SE-буфер – 2,5 мкл, dNTP – 2,5 мкл, прямые и обратные праймеры – 0,6 мкл, Taq ДНК полимеразу – 0,7 мкл, деионизированную воду – 13,1 мкл и 5 мкл ДНК.

ПЦР программа: шаг 1– 95°C – 3 мин, шаг 2 – 95°C – 30с, 65°C – 30с и 72°C – 30 с, количество циклов 30, шаг 3 –72°C – 5мин.

В состав рестрикционной смеси объемом 27 мкл входят: амплификат –17 мкл, буфер для рестрикции –2,5 мкл, рестриктаза AluI – 1,5 мкл, вода деионизированная – 6 мкл.

Рестрикционную смесь по полиморфизму LV выдерживали в термостате при температуре 37 °С в течение 3-х часов. Затем вносили продукты рестрикции с красителем в лунки 3 % агарозного геля и помещали в камеру горизонтального электрофореза на 1 час с напряжением 100V. Результаты фиксировали при помощи трансиллюминатора Gel Doc.

Выборку показателей хозяйственно-полезных признаков крупного рогатого скота и формирование групп по наибольшей лактации осуществляли по данным программы АРМ «Селэкс» (молочный скот).

Проведено генотипирование коров старше 3 лактации по локусам соматотропина и лептина, и определена связь с молочной продуктивностью (удой, массовая доля жира, массовая доля белка) за первую, третью, последнюю законченную лактации и пожизненно. Проведена сортировка коров каждой сельскохозяйственной организации на группы с различными генотипами соматотропина, лептина и комплексными генотипами и проведён анализ его связи с уровнем удою, жира и белка в молоке, живой массой, возрастом первого осеменения, также выполнен расчет частоты встречаемости генотипов и аллелей соматотропина, лептина и комплексных генотипов. Выявлены показатели продуктивного долголетия животных с различным полиморфизмом генов.

Биометрическая обработка. Результаты исследований биометрически обработаны с использованием программ IBM SPSS Statistics 23, Microsoft Excel. Рассчитаны селекционно-генетические параметры изучаемых признаков (удой, массовая доля жира, массовая доля белка), средняя арифметическая и ошибка средней арифметической ($\bar{X} \pm S_x$) по методикам Е. К. Меркурьевой (1983) [75], критерий достоверности Стьюдента, проведен корреляционный анализ Спирмена зависимостей изучаемых признаков от полиморфизма генотипов.

Рентабельность селекции крупного рогатого скота по комплексным генотипам рассчитана по формулам:

$$P = \frac{\Pi \cdot 100}{H}$$

$\Pi = \text{УЧД}$

$\text{УЧД} = V_i - V_k$

$$P = \frac{\text{УЧД} \cdot 100}{H}, \text{ где}$$

V_k – стоимость молока на контрольном варианте;

V_i – стоимость молока на последующих вариантах

Π_k – прибыль на контрольном варианте;

Π_i – прибыль на последующих вариантах;

УЧД – условно чистый доход;

P – рентабельность;

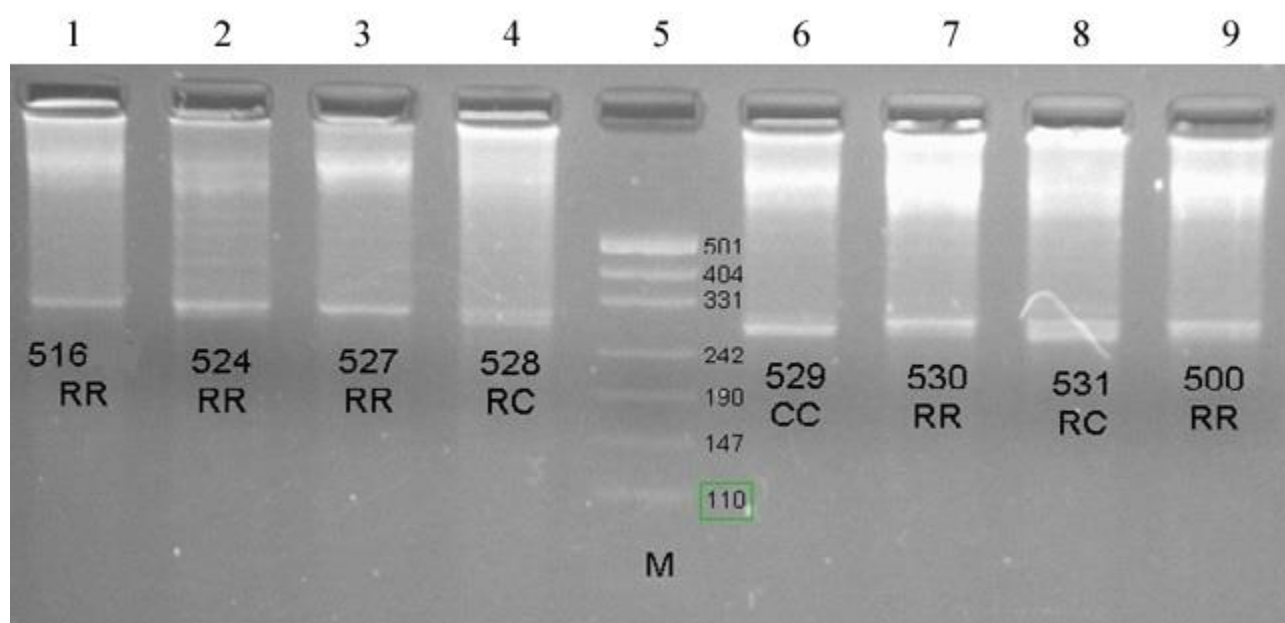
H – производственные затраты



Рисунок 1 – Схема исследований

2.2.2. Влияние R25C-полиморфизма гена лептина на хозяйственно-полезные признаки коров

Для проведения исследований полиморфизма гена лептина из крови выделено 93 образца ДНК от голштинизированного черно-пестрого скота, принадлежащих сельскохозяйственной организации АО «Каменское» и 60 образцов, принадлежащих АО «Агрофирма «Патруши». У животных определен R25C-полиморфизм гена лептина (рисунок 2).



Автор фото Ярышкин А.А.

Рисунок 2 – Электрофореграмма продуктов рестрикции амплификата участка гена лептина (полиморфизм R25C)

Примечание: 1, 2, 3, 7, 9 – генотип RR; 4, 8 генотип CR; 6 – генотип CC; 5 – маркер молекулярного веса

R25C-полиморфизм гена лептина обусловлен аллелями С и R, которые образуют три генотипа RR, CR и CC. Генотип RR представлен одной верхней полосой, длиной 305 п.н. Генотип CR представлен двумя полосами, расположенными на уровнях 305 и 283 п.н. Генотип CC представлен одной нижней полосой, длиной 283 п.н. Под генотипами указаны номера проб животных. Для точности генотипирования внесен маркер молекулярной массы и положительный контроль.

На рисунке 3 представлена частота встречаемости различных генотипов

(R25C) лептина.

Наибольшее распространение в голштинизированной черно-пестрой породе крупного рогатого скота получил генотип CR, его частота встречаемости практически достигает 50 %. Генотип CC имеет меньшую встречаемость – 31,2 % в АО «Каменское» и 30,1 % в АО «Агрофирма «Патруши» соответственно. Наиболее редким генотипом животных черно-пестрой породы является RR. Его встречаемость не превышала 25 %. Сходное распределение генотипов R25C полиморфизма лептина установлено и Н.В. Ковалюк с соавторами в исследованиях айрширского скота в 2014-2015 годах [50, 51]. При этом в красной степной и швицкой породах крупного рогатого скота отмечается преобладание генотипа CC (Чижова Л.Н. с соавт., 2017) [125].

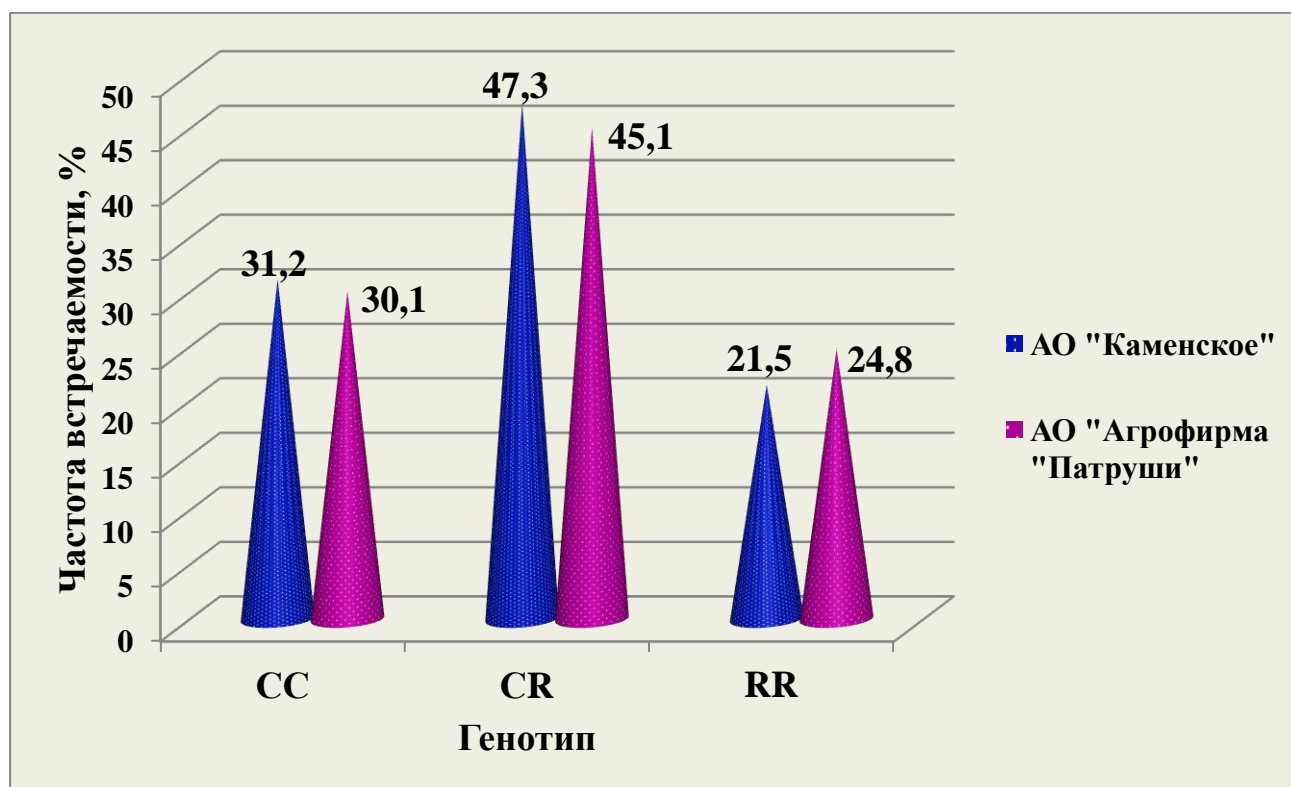


Рисунок 3 – Встречаемость различных генотипов лептина R25C

Исследована частота встречаемости аллелей R25C-полиморфизма гена лептина у животных голштинизированной черно-пестрой породы (рисунок 4).

В обоих исследованных сельскохозяйственных предприятиях распределение аллелей С и R практически одинаково и стремится к 50 %. Встречаемость аллеля R на 0,04-0,1 % ниже, чем аллеля С.

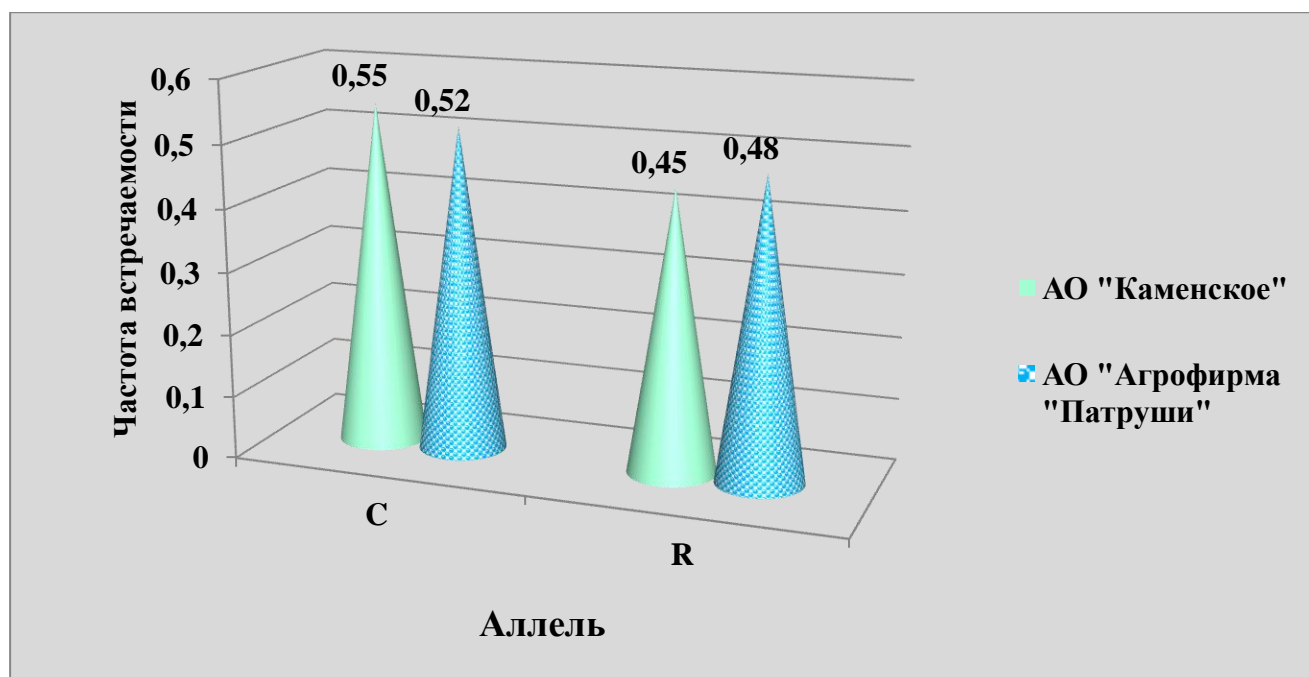


Рисунок 4 – Встречаемость различных аллелей лептина R25C

В таблице 1 представлено влияние различных генотипов лептина R25C на молочную продуктивность скота за 305 дней первой лактации в АО «Каменское».

Таблица 1 – Показатели молочной продуктивности за первую лактацию у коров с различными генотипами лептина (R25C) в АО «Каменское» (n=93) ($\bar{X} \pm S_x$)

LEP	Удой, кг	МДЖ, %	МДБ, %	Живая масса, кг
CC	6514±143	3,94±0,02	3,14±0,02	566±6
CR	6456±150	3,97±0,02	3,16±0,01	562±3
RR	6791±194	4,02±0,03	3,13±0,03	565±4
RR-CC	277	0,08**	-0,01	-1
RR-CR	335	0,05	-0,03	3
CC-CR	58	-0,03	-0,02	4

Примечание *- $p \leq 0,05$, ** - $p \leq 0,01$, *** - $p \leq 0,001$. Здесь и далее

По показателям за первую лактацию коровы с генотипом RR превосходят сверстниц по удою на 277-335 кг ($r_s=0,42$, $p \leq 0,001$), а с генотипом CR имеют повышенное содержание белка в молоке на 0,02-0,03 % по сравнению с носительницами генотипов CC и RR. Животные с генотипом CR также имеют пониженную живую массу. Наиболее высокие показатели массовой доли жира отмечаются у коров-носительниц генотипа RR – 4,02 %, что на 0,05-0,08 % выше, чем у сверстниц.

В таблице 2 представлено влияние различных генотипов лептина R25C на молочную продуктивность коров за первую лактацию в АО «Агрофирма «Патруши»».

Таблица 2 – Показатели молочной продуктивности за первую лактацию у коров с различными генотипами лептина (R25C) в АО «Агрофирма «Патруши» (n=60) ($X \pm Sx$)

LEP	Удой, кг	МДЖ, %	МДБ, %	Живая масса, кг
CC	8798±114	4,00±0,03	3,12±0,01	576±8
CR	8665±201	3,97±0,02	3,18±0,02	569±4
RR	8924±151	3,92±0,01	3,04±0,01	584±7
RR-CC	126	-0,08**	-0,08***	8
RR-CR	259	-0,05*	-0,14**	15
CC-CR	133	0,03	-0,06**	7

При исследовании показателей молочной продуктивности в зависимости от R25C-полиморфизма гена лептина выявлено, что лучшие результаты по удою за 305 дней первой лактации проявили коровы с генотипом RR. Разница со сверстницами составила 126-259 кг. Корреляция между удоем и генотипами составила 0,48 ($p \leq 0,001$). Также у этих животных наибольшая живая масса, составляющая 584 кг. Высокий уровень жира в молоке обнаружен у животных с генотипом CC. Он составляет 4 %. Коровы-носительницы генотипа CR демонстрируют лучшие показатели по содержанию белка в молоке. Разница со сверстницами составила 0,06-0,14 % ($p \leq 0,01$).

В таблицах 3-4 представлены результаты исследований связи генов лептина с показателями молочной продуктивности за третью лактацию.

Таблица 3 – Показатели молочной продуктивности за 305 дней третьей лактации у коров с различными генотипами лептина (R25C) в АО «Каменское» (n=93) ($X \pm Sx$)

LEP	Удой, кг	МДЖ, %	МДБ, %	Живая масса, кг
CC	7498±214	3,93±0,01	3,17±0,01	619±5
CR	7470±129	3,98±0,03	3,17±0,01	610±4
RR	7607±215	4,02±0,02	3,14±0,02	622±6
RR-CC	109	0,09***	-0,03	3
RR-CR	137	0,04	-0,03	12
CC-CR	28	-0,05	-	9

В АО «Каменское» коровы с генотипом RR по показателям за третью лактацию отличаются более высоким удоем за 305 дней лактации. Разница составляет 109-137 кг ($r_s=0,36$, $p \leq 0,001$). При этом животные с данным генотипом имеют пониженное содержание белка в молоке – на 0,03 % ниже, чем у обладательниц дру-

гих генотипов. Коровы-носительницы генотипа RR имеют лучшие показатели по содержанию жира в молоке и живой массе. Разница со сверстницами по показателям жира составила 0,04-0,09 % при $p \leq 0,001$, по живой массе 3-12 кг.

Таблица 4 – Показатели молочной продуктивности за 305 дней третьей лактации у коров с различными генотипами лептина (R25C) в АО «Агрофирма «Патруши» (n=60) ($X \pm Sx$)

LEP	Удой, кг	МДЖ, %	МДБ, %	Живая масса, кг
CC	10204±347	3,99±0,03	3,16±0,02	645±7
CR	9298±294	3,94±0,03	3,12±0,02	635±12
RR	10607±341	3,83±0,01	3,14±0,02	652±15
RR-CC	403	-0,16***	-0,02	7
RR-CR	1309**	-0,11**	0,02	17
CC-CR	906	0,03	0,04	10

В АО «Агрофирма «Патруши» коровы с генотипом RR также имеют больший удой. Разница со сверстницами достигает 1309 кг при $p \leq 0,05$. Корреляция между удоем и полиморфизмом гена лептина составляет 0,44 ($p \leq 0,001$). Высокое содержание жира и белка в молоке выявлено у носительниц генотипа CC – 3,99 и 3,16 % соответственно.

В таблицах 5-6 представлены результаты исследований взаимосвязи генотипов лептина с молочной продуктивностью коров за последнюю законченную лактацию.

Таблица 5 – Показатели молочной продуктивности за последнюю законченную лактацию у коров с различными генотипами лептина (R25C) в АО «Каменское» (n=93) ($X \pm Sx$)

LEP	Удой, кг	МДЖ, %	МДБ, %	Живая масса, кг
CC	6961±431	3,92±0,01	3,20±0,01	625±9
CR	7620±255	3,90±0,01	3,20±0,02	620±5
RR	8002±329	3,91±0,02	3,19±0,01	622±9
RR-CC	1041	-0,01	-0,01	-3
RR-CR	382	0,01	-0,01	2
CC-CR	-659	0,02	-	5

В АО «Каменское» у коров с генотипом RR мы наблюдаем тенденцию к увеличению удоя за 305 дней лактации – 8002 кг ($r_s=0,22$, $p \leq 0,05$). Разница со сверстницами составляет 382-641 кг. Показатели содержания жира в молоке у ко-

ров-носительниц разных генотипов отличаются незначительно. Коровы с генотипом RR показывают незначительное снижение массовой доли белка. Наибольшую живую массу имели коровы с генотипом CC.

Таблица 6 – Показатели молочной продуктивности коров за последнюю законченную лактацию с различными генотипами лептина (R25C) в АО «Агрофирма «Патруши» (n=60) ($X \pm S_x$)

LEP	Удой, кг	МДЖ, %	МДБ, %	Живая масса, кг
CC	8971±103	4,00±0,03	3,21±0,02	647±11
CR	9520±304	3,97±0,02	3,22±0,01	628±7
RR	10804±219	3,99±0,02	3,19±0,02	635±8
RR-CC	1833***	-0,01	-0,02	-12
RR-CR	1284***	0,02	-0,03	7
CC-CR	-549	0,03	-0,01	19

В АО «Агрофирма «Патруши» удой коров с генотипом RR превышает 10000 кг. Разница со сверстницами достигает 1284-1833 кг при $p \leq 0,001$. Корреляция между генотипами коров и удоем составляет 0,42 ($p \leq 0,001$). При этом у носительниц генотипа RR наблюдается снижение белка в молоке на 0,02-0,03 %. Коровы-носительницы генотипа CC имеют высокие показатели массовой доли жира в молоке, составляющие 4 % и живой массы коров, достигающей 647 кг.

Влияние полиморфизма гена лептина R25C на молочную продуктивность коров за всю жизнь представлено в таблицах 7-8.

Таблица 7 – Показатели пожизненной молочной продуктивности коров в АО «Каменское» с различными генотипами лептина (R25C) (n=93) ($X \pm S_x$)

LEP	Удой, кг	МДЖ, %	МДБ, %	Живая масса, кг
CC	30950±1015	3,98±0,01	3,19±0,01	630±9
CR	29244±1268	4,00±0,02	3,18±0,01	620±5
RR	31085±1879	4,01±0,02	3,15±0,01	630±9
RR-CC	135	0,03	-0,04***	-
RR-CR	1841	0,01	-0,03**	10
CC-CR	1706	-0,02	0,01	10

В АО «Каменское» за счёт увеличенного пожизненного удоя коровы с генотипом RR дают больше молока до 1841 кг за весь срок хозяйственно-полезного использования ($r_s=0,24$, $p \leq 0,01$), в то время как коровы с генотипами CC и CR склонны к повышенному содержанию белка в молоке на 0,03-0,04%, по сравнению с но-

сительницами генотипа RR (А.А. Ярышкин с соавт., 2022) [145]. Коровы-обладательницы генотипа RR также имеют незначительное увеличение массовой доли жира. Наиболее низкую живую массу имеют коровы с генотипом CR. Разница со сверстницами составляет 10 кг.

Таблица 8 – Показатели пожизненной молочной продуктивности коров в АО «Агрофирма «Патруши» с различными генотипами лептина (R25C) (n=60) ($X \pm Sx$)

LEP	Удой, кг	МДЖ, %	МДБ, %	Живая масса, кг
CC	52100±1050	4,00±0,01	3,17±0,03	640±8
CR	49124±540	3,95±0,02	3,21±0,02	643±4
RR	58534±910	3,93±0,01	3,13±0,02	646±6
RR-CC	6434***	-0,07***	-0,04	6
RR-CR	9410***	-0,02	-0,08*	3
CC-CR	2976	0,05*	-0,04	-3

В АО «Агрофирма «Патруши» коровы с генотипом RR имеют наиболее высокую продуктивность за всю жизнь, составляющую 58534 кг. Разница со сверстницами составляет 6434-9410 кг при $p \leq 0,001$. Корреляция между полиморфизмом гена лептина и удоем за всю жизнь составляет 0,48 при $p \leq 0,001$. Носительницы генотипа CC показывают высокое содержание жира в молоке – на 0,05-0,07 % выше, чем у сверстниц ($p \leq 0,05-0,001$). Лучшие результаты по содержанию белка в молоке демонстрируют коровы с генотипом CR – 3,21 %. Разница со сверстницами достигает 0,08 % ($p \leq 0,05$). Тенденцию к увеличению живой массы также показали коровы с генотипом RR.

Полиморфизм гена лептина оказывает влияние на продолжительность сроков хозяйственно-полезного использования (рисунок 5).

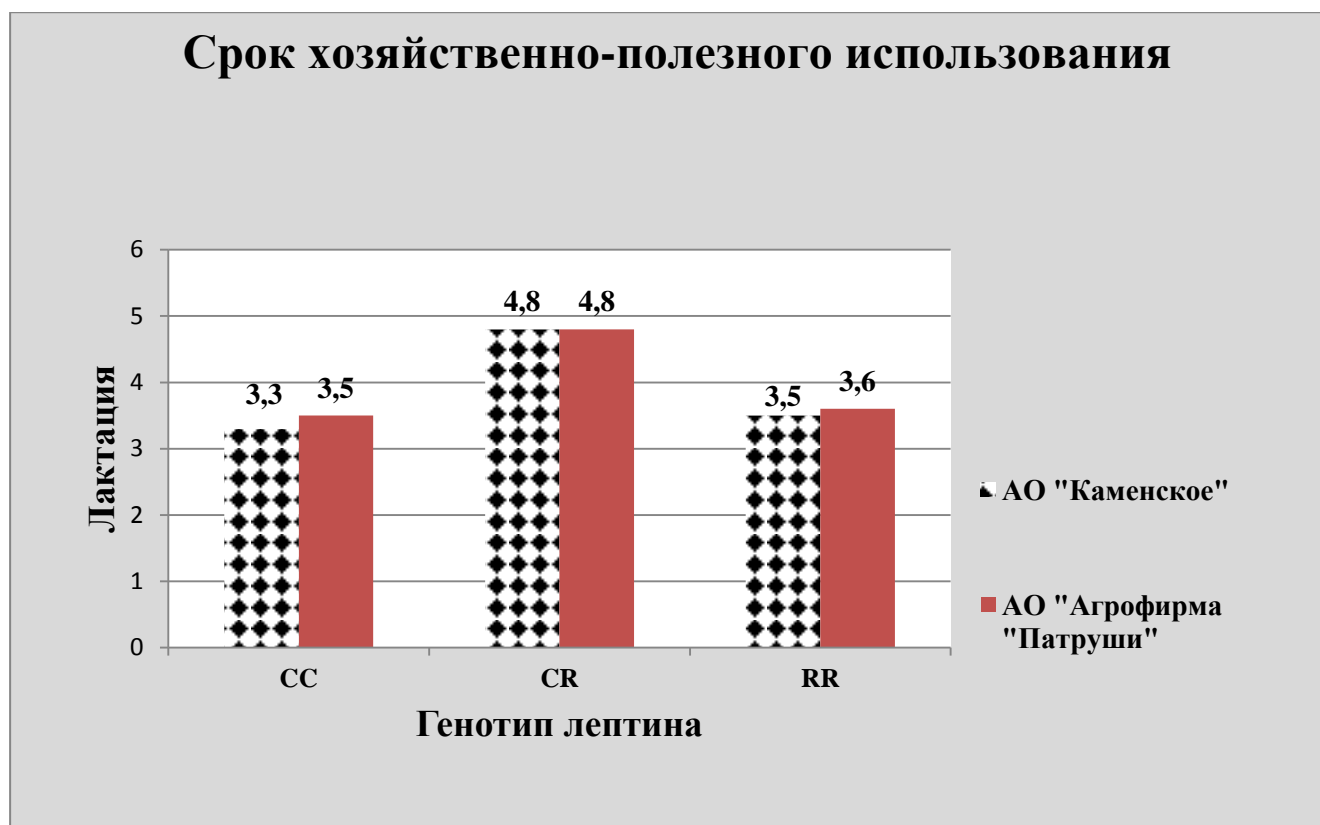


Рисунок 5 – Средняя продолжительность хозяйственно-полезного использования в зависимости от R25C-полиморфизма гена лептина

Положительное влияние на срок хозяйственно-полезного использования оказывает генотип CR полиморфизма R25C гена лептина, его носительницы в среднем лактируют на 1,2-1,3 лактаций больше чем носительницы генотипов RR и CC ($p \leq 0,05$). Корреляционный анализ показал наличие слабых связей между генотипами коров и продолжительностью хозяйственного использования $r_s = 0,34$ при $p \leq 0,01$. Данная взаимосвязь наблюдается у животных обоих исследованных племенных предприятий. Можно предположить, что гетерозиготные животные более устойчивы к болезням и неблагоприятным факторам, но уровень их молочной продуктивности ниже, чем у гомозиготных коров.

Интенсивность роста и развития млекопитающих животных приходится на период до половой зрелости. Виды млекопитающих животных, обладающих меньшим весом, быстрее достигают половой зрелости. Возраст первого осеменения в значительной степени зависит от набора животными определенной живой массы. В настоящее время в голштинизированной черно-пестрой породе крупного рогатого скота оптимальным возрастом первого осеменения является 13-14 месяцев при

наборе живой массы 400 кг. В экспериментальной выборке телок живая масса при первом осеменении в среднем составляла 399 кг, что соответствует установленной технологией норме. Однако часть животных имели большую скорость роста, по сравнению со своими сверстницами, что возможно, обусловлено влиянием аллельного состояния гена лептина. Исследована зависимость живой массы и возраста первого осеменения телок от носительства генотипов лептина (таблицы 9-10).

Таблица 9 – Показатели живой массы телок при первом осеменении с различными генотипами лептина (R25C) в АО «Каменское» (n=93) ($X \pm Sx$)

LEP	Живая масса при первом осеменении, кг	Возраст первого осеменения, дней
CC	404±8	522±4
CR	399±5	486±3
RR	399±8	492±4
RR-CC	-5	-30***
RR-CR	0	6
CC-CR	5	36***

Из данных таблицы следует, что в АО «Каменское» телки с генотипом CC имели большую живую массу и более поздний возраст первого осеменения. Разница со сверстницами по живой массе составила 5 кг, по возрасту первого осеменения – 30-36 дней ($p \leq 0,001$).

Таблица 10 – Показатели живой массы телок при первом осеменении с различными генотипами лептина (R25C) в АО «Агрофирма «Патруши» (n=60) ($X \pm Sx$)

LEP	Живая масса при первом осеменении, кг	Возраст первого осеменения, дней
CC	395±10	465±3
CR	411±5	423±3
RR	415±6	446±7
RR-CC	20	-19*
RR-CR	4	23**
CC-CR	-16	42***

В АО «Агрофирма «Патруши» наблюдается аналогичная тенденция – телки-носительницы генотипа CC имеют самый высокий возраст первого осеменения. Разница в осеменении достигает 42 дней. При этом они имеют низкую живую

массу, составляющую 395 кг.

Продуктивное долголетие зависит в первую очередь не только от возможности животного давать высокую молочную продуктивность, но и от способности сохранять ее длительное время. Высокий уровень обильномолочности растрчивает ресурсы организма. Как следствие, у коров начинаются проблемы со здоровьем, и выбытие животных происходит по причине заболеваний, не поддающихся лечению, или приводящим к бесплодию. Мониторинг причин выбытия в целом по выборке коров АО «Каменское» без учета генотипов по гену лептина позволил выявить, что наибольшее количество животных выбраковывались по причине болезней репродуктивной системы – 20 %. Болезни репродуктивной системы могут быть вызваны неправильным использованием гормональных препаратов, осложнениями после родов. Животных, выбывших по причине болезней конечностей и обмена веществ, было меньше на 3 и 5 % соответственно. Основные причины болезней конечностей – отсутствие моциона, нерегулярный уход за копытами. Болезни обмена веществ, в основном возникают из-за несбалансированного составления рационов коров. Незначительное количество коров выбыли по причине болезней внутренних органов и низкой продуктивности – 3 и 1 % соответственно (рисунок 6).

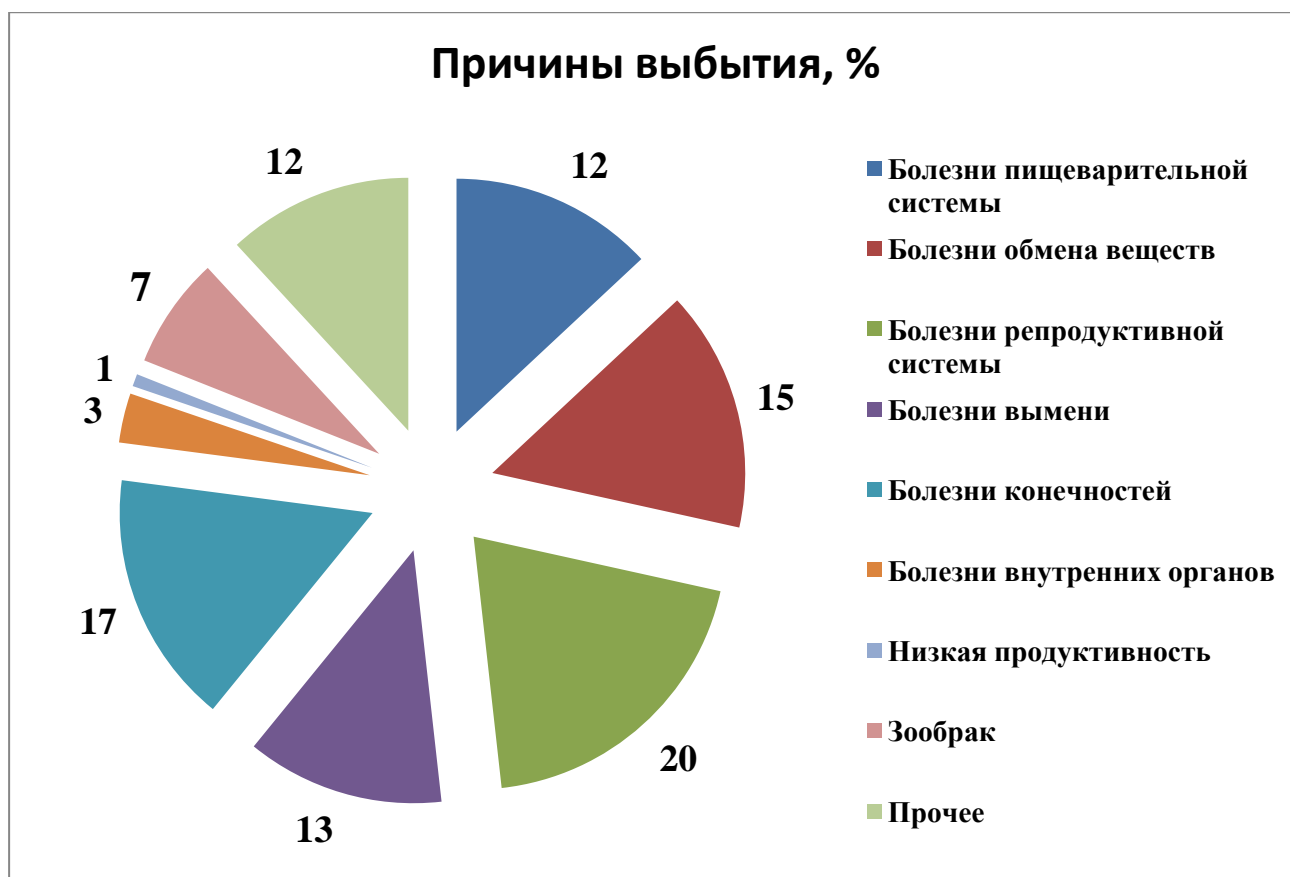


Рисунок 6 – Причины выбытия коров в АО «Каменское» (n=93)

На рисунке 7 представлены причины выбытия коров в АО «Агрофирма «Патруши».



Рисунок 7 – Причины выбытия коров в АО «Агрофирма «Патруши» (n=60)

Анализ распределения причин выбытия коров в АО «Агрофирма «Патруши»

показал меньшее количество причин, чем в АО «Каменское». В данной выборке отсутствуют коровы, выбывшие по причине низкой продуктивности и зообрака. Наиболее часто выбывают животные с болезнями конечностей – 30 %. По причине болезней вымени коровы выбывают на 12 % реже, с болезнями пищеварительной системы – на 15 % реже. Количество выбытий по причине болезней обмена веществ и репродуктивной системы не превышает 9 %.

Были изучены причины выбытия коров в зависимости от R25C-полиморфизма гена лептина (таблица 11-12).

Таблица 11 – Причины выбытия коров с разными генотипами по гену лептина (R25C) в АО «Каменское» (n=93)

Причина выбытия	Количество голов		
	CC	CR	RR
Болезни пищеварительной системы	7	4	-
Болезни обмена веществ	4	6	4
Болезни репродуктивной системы	7	4	8
Болезни вымени	3	6	3
Болезни конечностей	7	6	3
Болезни внутренних органов	1	2	-
Низкая продуктивность	-	1	-
Зообрак	-	6	-
Прочее	1	8	2
Итого	30	43	20

В АО «Каменское» основными причинами выбытия коров с генотипом CC являются болезнями пищеварительной, репродуктивной систем и болезнями конечностей – по 23 % каждая. Редко встречается выбытие животных с генотипом CC по причине болезни внутренних органов. Животные с генотипом CR часто выбывают по причине болезней конечностей, вымени и обмена веществ а носительницы генотипа RR – по причине болезней репродуктивной системы (8 животных). Выбытие, связанное с низкой продуктивностью коров встречается в племенных предприятиях крайне редко.

Таблица 12 – Причин выбытия коров с разными генотипами по гену лептина (R25C) в АО «Агрофирма «Патруши» (n=60)

Причина выбытия	Количество голов		
	CC	CR	RR
Болезни пищеварительной системы	2	5	2
Болезни обмена веществ	1	2	3
Болезни репродуктивной системы	1	3	1
Болезни вымени	-	7	4
Болезни конечностей	9	7	2
Болезни внутренних органов	3	-	2
Прочее	3	3	-
Итого	19	27	14

В АО «Агрофирма «Патруши» основное количество животных с генотипом CC выбывает по причине болезней конечностей – 9 голов. Выбытие по причине болезней репродуктивной системы животных с генотипом CC встречается крайне редко. Коровы-носительницы генотипа CR чаще выбывают по причине болезней вымени и болезней конечностей – по 7 голов каждой. Коровы с генотипом RR часто выбывают по причинам болезней вымени – 4 головы.

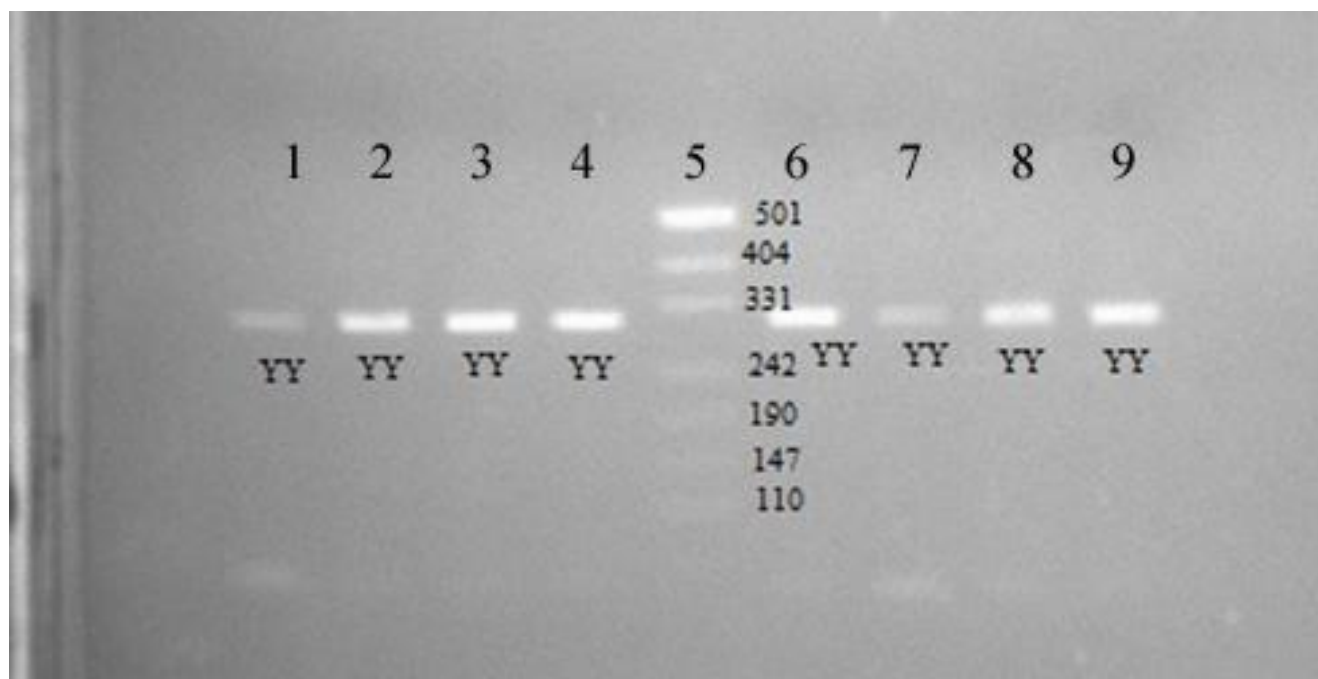
2.2.3. Y7F-полиморфизм гена лептина

Проведено исследование Y7F- полиморфизма гена лептина в выборке 93 голов крупного рогатого скота в АО «Каменское» и 60 голов в АО «Агрофирма «Патруши».

Из фореграммы видно, что все животные имели генотип YY, представленный одной верхней полосой, расположенной на 310 п.н (рисунок 8).

YF и FF генотипы в голштинизированной черно-пестрой породе встречаются очень редко. Y7F- полиморфизм в данной выборке отсутствует, и взаимосвязь данного полиморфизма с хозяйственно-полезными показателями коров черно-пестрой голштинизированной породы не установлена. Преобладание генотипа YY также отмечается в красной степной и швицкой породах крупного рогатого скота (Чижова Л.Н. с соавт., 2017) [125]. Y7F полиморфизм является распространенным

в айрширской породе скота, количество коров носительниц генотипа YF может достигать 40 % (Н.В. Ковалюк с соавт., 2018) [49].



Автор фото Ярышкин А.А.

Рисунок 8 – Электрофореграмма продуктов рестрикции амплификата участка гена лептина (полиморфизм Y7F)

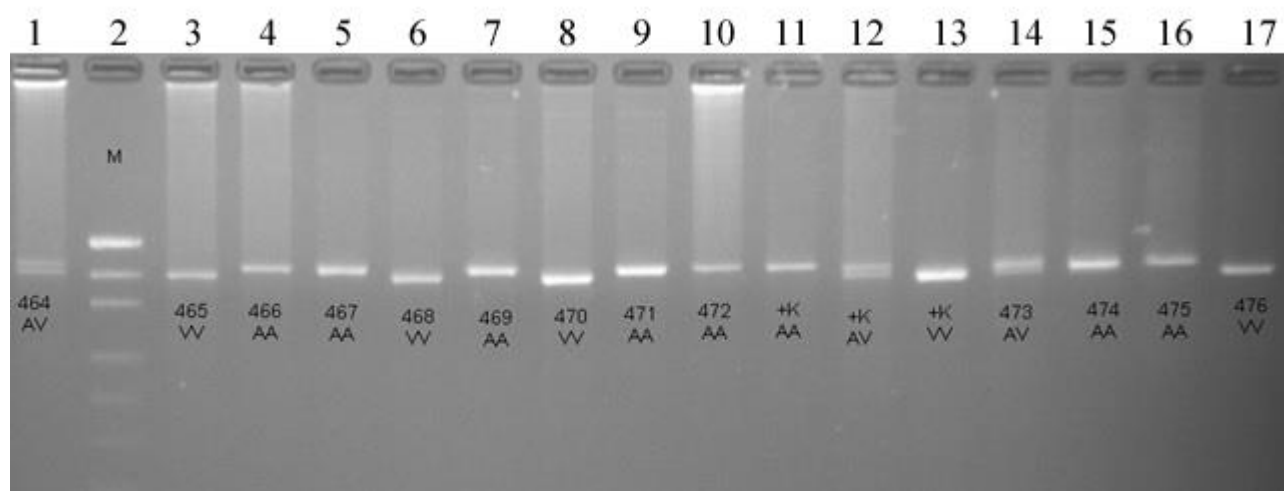
Примечание: 1, 2, 3, 4, 6, 7, 8, 9 – генотип YY; 5 – маркер молекулярного веса

2.2.4. Взаимосвязь полиморфных вариантов гена лептина A80V и хозяйственно-полезных признаков коров

Проведено исследование A80V-полиморфизма гена лептина в выборке 60 голов крупного рогатого скота в АО «Каменское» и 60 голов в АО «Агрофирма «Патруши».

A80V-полиморфизм гена лептина обусловлен аллелями A и V, которые образуют три генотипа AA, AV и VV. Генотип AA представлен одной верхней полосой, длиной 424 п.н. Генотип AV представлен двумя полосами, расположенными на уровнях 424 и 398 п.н. Генотип VV представлен одной нижней полосой, длиной 398 п.н. Под генотипами указаны номера проб животных. Для точности

генотипирования внесен маркер молекулярной массы и положительный контроль (рисунок 9).



Автор фото Ярышкин А.А.

Рисунок 9 – Электрофореграмма продуктов рестрикции амплификата участка гена лептина (полиморфизм A80V)

Примечание: 4, 5, 7, 9, 10, 11, 15, 16 – генотип AA; 1, 12, 14 – генотип AV; 3, 6, 8, 13, 17 – генотип VV; 2 – маркер молекулярного веса

На рисунке 10 представлена частота встречаемости различных генотипов лептина A80V в АО «Агрофирма «Патруши» и АО «Каменское».

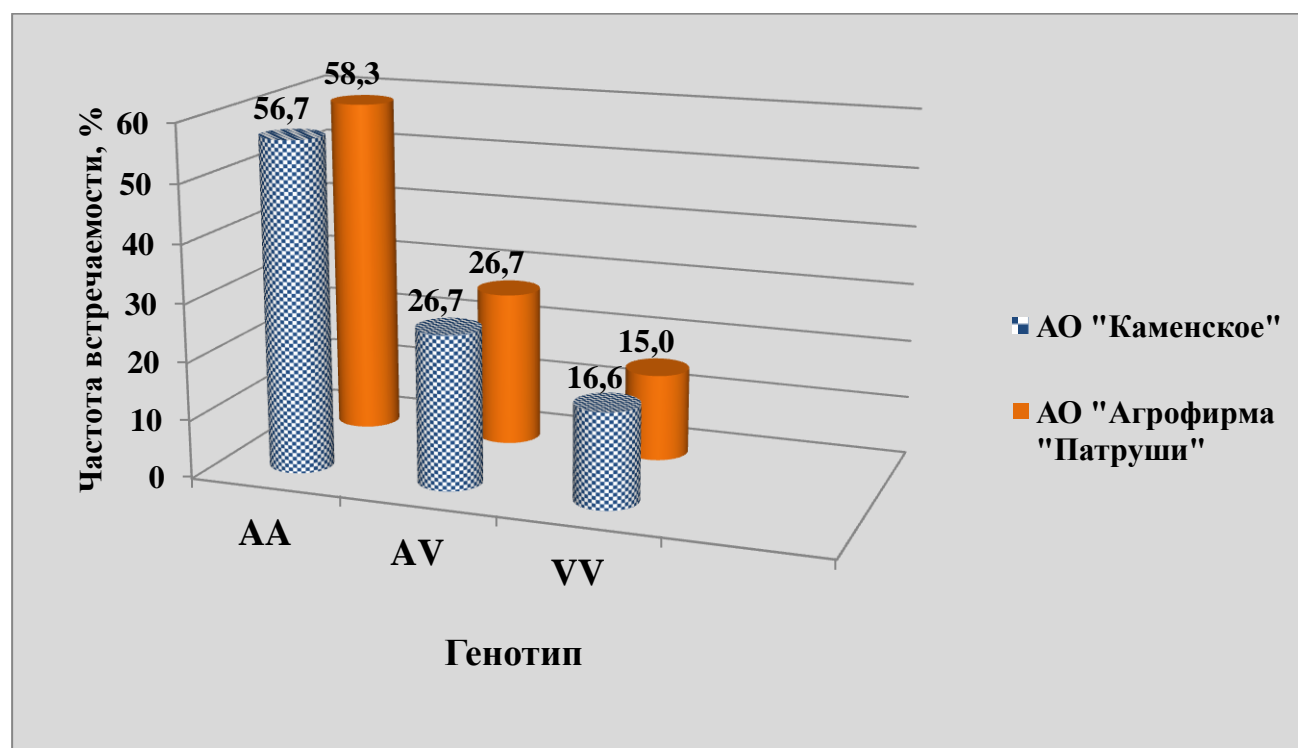


Рисунок 10 – Встречаемость различных генотипов лептина A80V

В популяции исследованных коров SNP лептина A80V преобладает генотип

AA – 56,7-58,3 % в обеих сельскохозяйственных организациях. Встречаемость генотипа AV ниже 26,7 %. Генотип VV в голштинизированной черно-пестрой породе является редким. Его частота встречаемости не превышает 17 %. Результаты данного исследования согласуются с исследованиями А.И. Ганджа с соавт. (2017) [17], проведенными на голштинской породе.

Изучено распределение аллелей лептина A80V у животных племенных предприятий (рисунок 11).

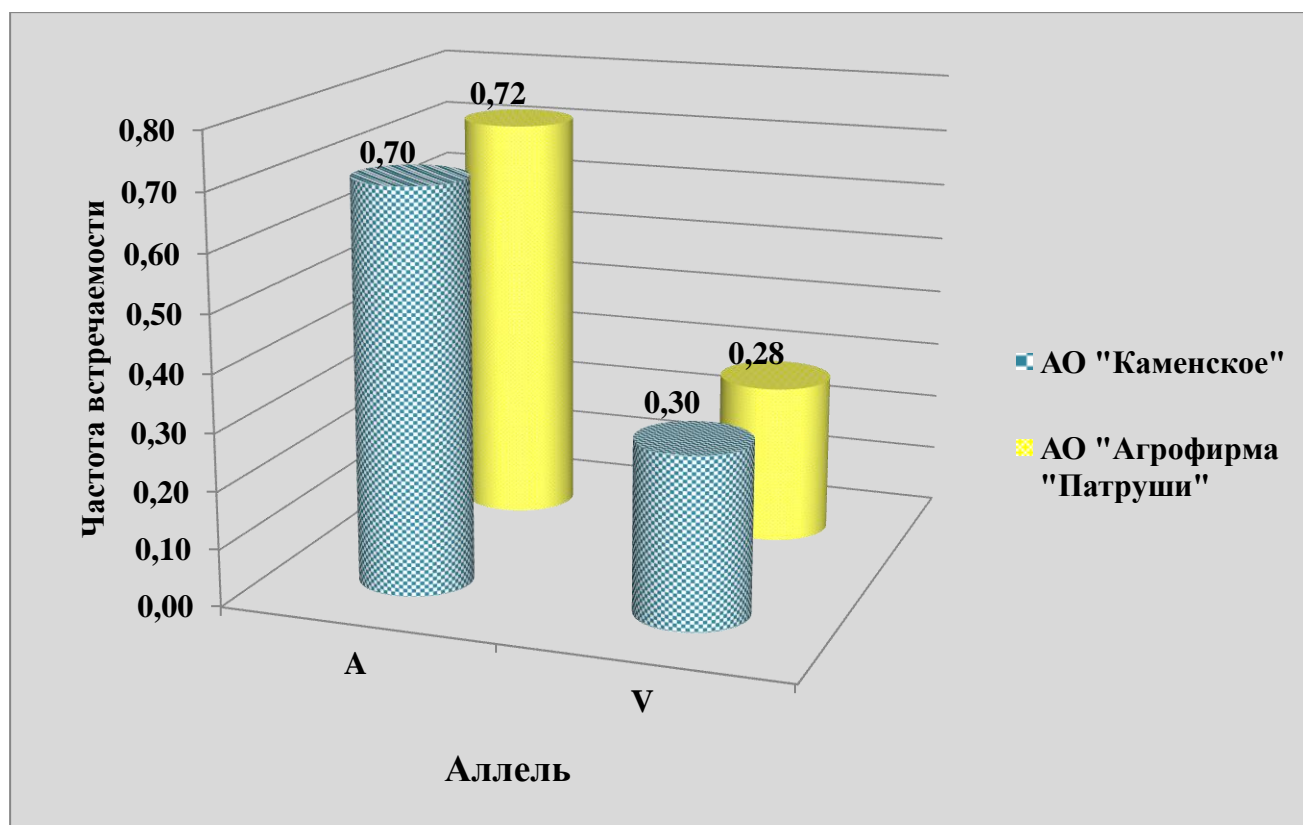


Рисунок 11 – Встречаемость различных аллелей лептина A80V

В SNP A80V преобладает аллель A. Его частота встречаемости 70-72 %.

В таблицах 13-14 представлено влияние различных генотипов лептина A80V на молочную продуктивность коров за 305 дней первой лактации.

Таблица 13 – Показатели молочной продуктивности и живой массы коров за первую лактацию с различными генотипами лептина (A80V) в АО «Каменское» (n=60) ($X \pm Sx$)

LEP	Удой, кг	МДЖ, %	МДБ, %	Живая масса, кг
AA	6806±111	3,95±0,02	3,13±0,01	591±3
AV	6594±239	4,03±0,01	3,17±0,02	582±9
VV	6398±127	3,98±0,03	3,10±0,03	571±10
AA-VV	408	-0,03	0,03	20*
AA-AV	212	-0,08***	-0,04*	9
AV-VV	196	0,05	0,07*	11

В АО «Каменское» животные с генотипом AA по полиморфизму A80V превосходили сверстниц по удою на 212-408 кг ($r_s=0,38$, $p \leq 0,01$), в то время как носительницы генотипа AV показывали более высокое содержание жира и белка в молоке на 0,04-0,08 % ($p \leq 0,05$), ($r_s=0,44-0,45$, $p \leq 0,001$). Носительницы генотипа AA демонстрировали лучшие результаты по набору живой массы.

Таблица 14 – Показатели молочной продуктивности и живой массы коров за первую лактацию с различными генотипами лептина (A80V) в АО «Агрофирма «Патруши» (n=60) ($X \pm Sx$)

LEP	Удой, кг	МДЖ, %	МДБ, %	Живая масса, кг
AA	9398±201	3,96±0,02	3,10±0,02	579±12
AV	9145±186	4,00±0,01	3,14±0,01	575±5
VV	8285±504	3,94±0,04	3,09±0,03	570±5
AA-VV	1113*	0,02	0,01	9
AA-AV	253	-0,04*	-0,04*	4
AV-VV	860**	0,06	-0,05	5

В АО «Агрофирма «Патруши» коровы с генотипом AA показывали высокие удои за 305 дней лактации. Коровы-носительницы генотипа AV превышали сверстниц по показателям жира и белка в молоке на 0,04-0,06 % ($p \leq 0,05$), ($r_s=0,47$, $p \leq 0,001$). Большую живую массу демонстрировали коровы с генотипом AA.

В таблицах 15-16 представлено влияние различных генотипов лептина A80V на молочную продуктивность коров за 305 дней третьей лактации.

Таблица 15 – Показатели молочной продуктивности и живой массы коров за третью лактацию с различными генотипами лептина (A80V) в АО «Каменское» (n=60) ($X \pm Sx$)

LEP	Удой, кг	МДЖ, %	МДБ, %	Живая масса, кг
AA	7897±154	3,96±0,02	3,14±0,02	649±6
AV	7491±196	3,97±0,02	3,18±0,01	633±3
VV	7383±301	3,93±0,02	3,13±0,02	630±9
AA-VV	514	0,03	0,01	19
AA-AV	406	-0,01	-0,04*	16*
AV-VV	108	0,04	0,05*	3

Анализируя показатели коров по третьей лактации в АО «Каменское», можно сделать вывод о том, что носительницы генотипа AA превосходят других коров по удою на 406-514 кг молока ($r_s=0,44$, $p \leq 0,001$), и по живой массе на 16-19 кг ($p \leq 0,05$). Носительницы AV показывают повышенное содержание белка в молоке на 0,01-0,05 % ($p \leq 0,05$) ($r_s=0,39$, $p \leq 0,01$).

Таблица 16 – Показатели молочной продуктивности и живой массы коров за третью лактацию с различными генотипами лептина (A80V) в АО «Агрофирма «Патруши» (n=60) ($X \pm Sx$)

LEP	Удой, кг	МДЖ, %	МДБ, %	Живая масса, кг
AA	10261±1500	3,92±0,02	3,15±0,02	667±4
AV	9985±310	3,97±0,01	3,18±0,01	658±9
VV	9645±440	3,91±0,03	3,13±0,01	622±12
AA-VV	616	0,01	0,02	45**
AA-AV	276	-0,05*	-0,03***	9
AV-VV	340	0,06*	0,05	36**

В АО «Агрофирма «Патруши» отмечены высокие показатели удоя коров-носительниц генотипа AA. Разница по удою со сверстницами составила 276-616 кг ($r_s=0,55$, $p \leq 0,001$). Коровы с генотипом AV имели повышенное содержание жира и белка в молоке ($r_s=0,48-0,52$, $p \leq 0,001$). Разница со сверстницами составила 0,03-0,06 % ($p \leq 0,05-0,001$). Также коровы с генотипом AA имели наивысший показатель по живой массе, который составил 667 кг.

В таблицах 17-18 отражены результаты исследования взаимосвязи A80V-полиморфизма гена лептина и показателей молочной продуктивности за последнюю законченную лактацию.

Таблица 17 – Показатели молочной продуктивности за последнюю законченную лактацию с различными генотипами лептина (A80V) в АО «Каменское» (n=60) ($X \pm Sx$)

LEP	Удой, кг	МДЖ, %	МДБ, %	Живая масса, кг
AA	8428±322	3,90±0,01	3,20±0,01	630±4
AV	7749±494	3,95±0,03	3,27±0,02	619±13
VV	7080±792	3,93±0,02	3,21±0,01	615±10
AA-VV	1348	-0,03	-0,01	15
AA-AV	679	-0,05	-0,07**	11
AV-VV	669	0,02	0,06**	4

В АО «Каменское» наивысший удой имеют коровы с генотипом AA. Разница со сверстницами составила 679-1348 кг ($r_s=0,35$, $p \leq 0,01$). Содержание жира в молоке выше у коров с генотипом AV и составляет 3,95 % ($r_s=0,44$, $p \leq 0,001$). Носительницы генотипа AV также имеют склонность к повышенному содержанию белка в молоке ($r_s=0,43$, $p \leq 0,001$). Разница составляла 0,06-0,07 % ($p \leq 0,01$). Показатели живой массы коров выше у животных с генотипом AA. Разница со сверстницами составляет 11-15 кг.

Таблица 18 – Показатели молочной продуктивности и живой массы коров за последнюю законченную лактацию с различными генотипами лептина (A80V) в АО «Агрофирма «Патруши» (n=60) ($X \pm Sx$)

LEP	Удой, кг	МДЖ, %	МДБ, %	Живая масса, кг
AA	11041±322	3,91±0,03	3,18±0,02	670±20
AV	10902±156	3,94±0,02	3,25±0,01	649±9
VV	9365±317	3,92±0,03	3,21±0,02	634±5
AA-VV	1676***	-0,01	-0,03	36
AA-AV	139	-0,03	-0,07*	21*
AV-VV	1537***	0,02	0,04**	15

В АО «Агрофирма «Патруши» наивысший удой отмечается у коров с генотипом AA ($r_s=0,39$, $p \leq 0,01$). Разница со сверстницами по удою достигала 1676 кг ($p \leq 0,001$). Показатели содержания жира и белка в молоке увеличены у носительниц генотипа AV и составляют: по МДЖ – 3,94 %, по МДБ – 3,25 %.

Влияние полиморфизма гена лептина A80V на молочную продуктивность за всю жизнь представлено в таблицах 19-20.

Таблица 19 – Показатели молочной продуктивности и средней живой массы коров пожизненно с различными генотипами лептина (A80V) в АО «Каменское», (n=60) ($X \pm Sx$)

LEP	Удой, кг	МДЖ, %	МДБ, %	Живая масса, кг
AA	33056±1041	3,97±0,02	3,16±0,02	650±9
AV	29440±1210	4,00±0,03	3,19±0,03	626±7
VV	28950±2144	3,99±0,02	3,13±0,01	618±5
AA-VV	4106**	-0,02	0,03	32**
AA-AV	3616*	-0,03	-0,03*	24*
AV-VV	490	0,01	-0,06	8

Так как удой коров-носительниц генотипа AA выше, следовательно, и пожизненный показатель превышает показатели сверстниц на 3616-4106 кг ($p \leq 0,05-0,01$) ($r_s=0,49$, $p \leq 0,001$). Коровы с генотипом AA показывают увеличение живой массы по сравнению с сверстницами на 24-32 кг ($p \leq 0,05-0,01$). Наблюдается связь генотипа AV с повышенным процентом белка и жира молока на 0,01-0,06 % по сравнению с носительницами других генотипов ($r_s=0,34-0,47$, $p \leq 0,001$).

Таблица 20 – Показатели молочной продуктивности и живой массы коров пожизненно с различными генотипами лептина (A80V) в АО «Агрофирма «Патруши» (n=60) ($X \pm Sx$)

LEP	Удой, кг	МДЖ, %	МДБ, %	Живая масса, кг
AA	53863±901	3,93±0,02	3,16±0,03	659±8
AV	52687±2080	4,00±0,02	3,21±0,01	647±11
VV	46120±1300	3,94±0,01	3,14±0,02	645±7
AA-VV	7743**	-0,01	0,02	14
AA-AV	1176	-0,07**	-0,05**	12
AV-VV	6567*	0,06*	0,07**	-2

В АО «Агрофирма «Патруши» разница между носительницами генотипа AA и сверстницами по удою достигала 7743 кг ($p \leq 0,01$) ($r_s=0,42$, $p \leq 0,001$). Также коровы с генотипом AA имели высокий уровень живой массы, составляющий 659 кг. Коровы с генотипом AV демонстрировали лучшие результаты по массовой доле жира и белка ($r_s=0,44-0,46$, $p \leq 0,001$). Разница со сверстницами по содержанию жира составила 0,06-0,07 % ($p \leq 0,05-0,01$), по содержанию белка – 0,05-0,07 % ($p \leq 0,01$).

Полиморфизмы гена лептина оказывают значительное влияние на продолжи-

тельность сроков хозяйственно-полезного использования (рисунок 12).

Генотип VV полиморфизма лептина A80V оказывает отрицательное влияние на продуктивное долголетие животных, так его носительницы в среднем живут меньше на 0,6-2,1 лактации, чем носительницы генотипов AA и AV. Высокие показатели продолжительности хозяйственного использования обнаружены у коров с генотипом AA в обеих сельскохозяйственных организациях ($r_s=0,52$, $p\leq 0,001$). Можно предположить, что наличие аллеля A положительно влияет на здоровье животных.

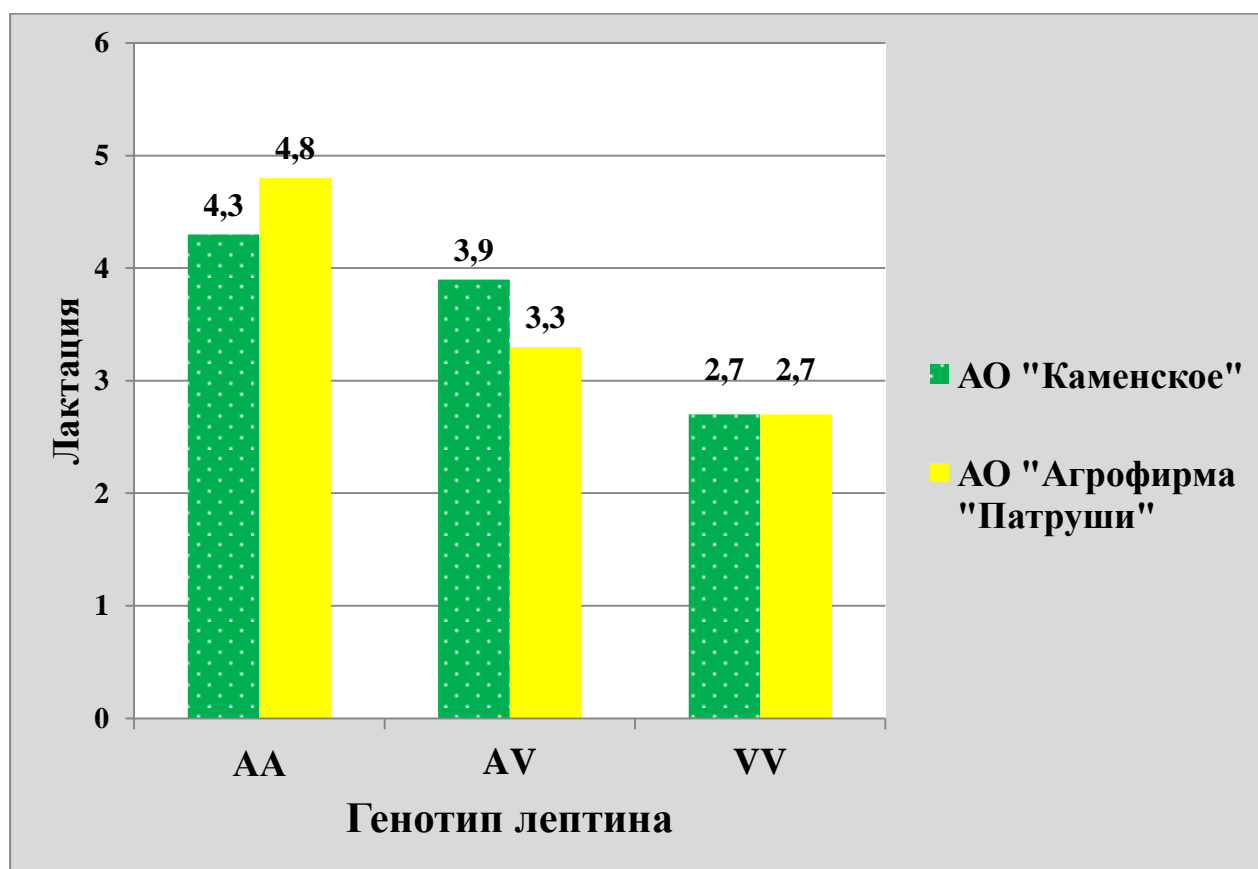


Рисунок 12- Средняя продолжительность хозяйственно-полезного использования в зависимости от A80V- полиморфизма гена лептина

Проведены исследования взаимосвязи физиологических показателей коров при первом осеменении и генотипов лептина A80V (таблицы 21-22).

Таблица 21 – Показатели живой массы телок при первом осеменении с различными генотипами лептина (A80V) в АО «Каменское» (n=60) ($X \pm S_x$)

LEP	Живая масса при первом осеменении, кг	Возраст первого осеменения, дней
AA	399±8	495±4
AV	397±6	477±4
VV	404±7	507±5
AA-VV	5	12
AA-AV	7	30***
AV-VV	2	18**

Животные с генотипом VV дольше набирают живую массу и осеменяются позднее сверстниц. Разница по живой массе со сверстницами составила 5-7 кг, по возрасту первого осеменения – 12-30 дней ($p \leq 0,001$).

Таблица 22 – Показатели живой массы телок при первом осеменении с различными генотипами лептина (A80V) в АО «Агрофирма «Патруши» (n=60) ($X \pm S_x$)

LEP	Живая масса при первом осеменении, кг	Возраст первого осеменения, дней
AA	406±16	467±7
AV	385±5	412±5
VV	415±4	485±3
AA-VV	9	18*
AA-AV	30***	73***
AV-VV	21	55***

В АО «Агрофирма «Патруши» наблюдается аналогичная тенденция. Носительницы генотипа VV имеют большую живую массу и возраст первого осеменения. Разница со сверстницами по живой массе составила 9-30 кг ($p \leq 0,001$), по возрасту первого осеменения – 18-73 дня ($p \leq 0,05-0,001$).

Исследованы причины выбытия коров в зависимости от генотипов лептина в АО «Каменское» и АО «Агрофирма «Патруши» (таблицы 23-24).

Таблица 23 – Распределение причин выбытия коров с разными генотипами по гену лептина (A80V) в АО «Каменское» (n=60)

Причина выбытия	Количество голов		
	AA	AV	VV
Болезни пищеварительной системы	-	6	-
Болезни обмена веществ	5	-	-
Болезни репродуктивной системы	8	5	2
Болезни вымени	10	2	-
Болезни конечностей	6	2	7
Болезни внутренних органов	2	-	1
Низкая продуктивность	-	1	-
Зообрак	-	1	-
Прочее	2	-	-
Итого	33	17	10

Основной причиной выбытия коров с генотипом AA является болезнь вымени. Коровы с генотипом AV выбывают часто по причине болезней пищеварительной системы (35,2 % случаев) и крайне редко по причине низкой продуктивности и зообрака. Коровы с генотипом VV в данной сельскохозяйственной организации склонны к болезням конечностей.

Таблица 24 – Распределение причин выбытия коров с разными генотипами по гену лептина (A80V) в АО «Агрофирма «Патруши» (n=60)

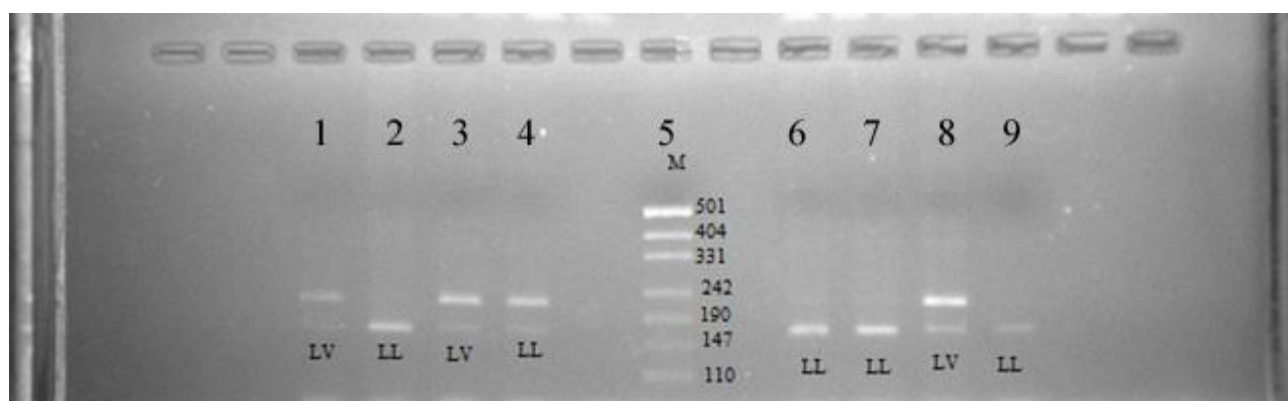
Причина выбытия	Количество голов		
	AA	AV	VV
Болезни пищеварительной системы	6	1	2
Болезни обмена веществ	4	2	-
Болезни репродуктивной системы	3	2	-
Болезни вымени	8	3	-
Болезни конечностей	7	5	6
Болезни внутренних органов	5	1	-
Прочее	3	2	1
Итого	35	16	9

В АО «Агрофирма «Патруши» животные-носители всех генотипов часто выбывают по причине болезней конечностей. Среди коров - носительниц генотипа AA распространены болезни пищеварительной системы.

3.2.5. Полиморфизм гена соматотропина и его влияние на показатели хозяйственно-полезных признаков коров

Проведено исследование LV-полиморфизма гена соматотропина в выборке 93 голов крупного рогатого скота в АО «Каменское» и 60 голов в АО «Агрофирма «Патруши».

Фореграмма LV-полиморфизма гена соматотропина представлена на рисунке 13. LV-полиморфизм гена соматотропина представлен аллелями L и V. Аллели образуют три генотипа: LL, LV и VV. Генотип LL представлен одной нижней полосой, расположенной на 159 п.н. Генотип VV представлен одной верхней полосой, расположенной на 211 п.н. Генотип LV показан двумя полосами, расположенными на 159 и 211 п.н.. На электрофореграмме для удобства генотипирования имеется маркер длин фрагментов.



Автор фото Ярышкин А.А.

Рисунок 13 – Электрофореграмма продуктов рестрикции амплификата участка гена соматотропина (полиморфизм LV)

Примечание: 2, 4, 6, 7, 9 – генотип LL; 1, 3, 8 – генотип LV; 5 – маркер молекулярного веса

Изучена частота встречаемости генотипов гена соматотропина у исследованных животных (рисунок 14).

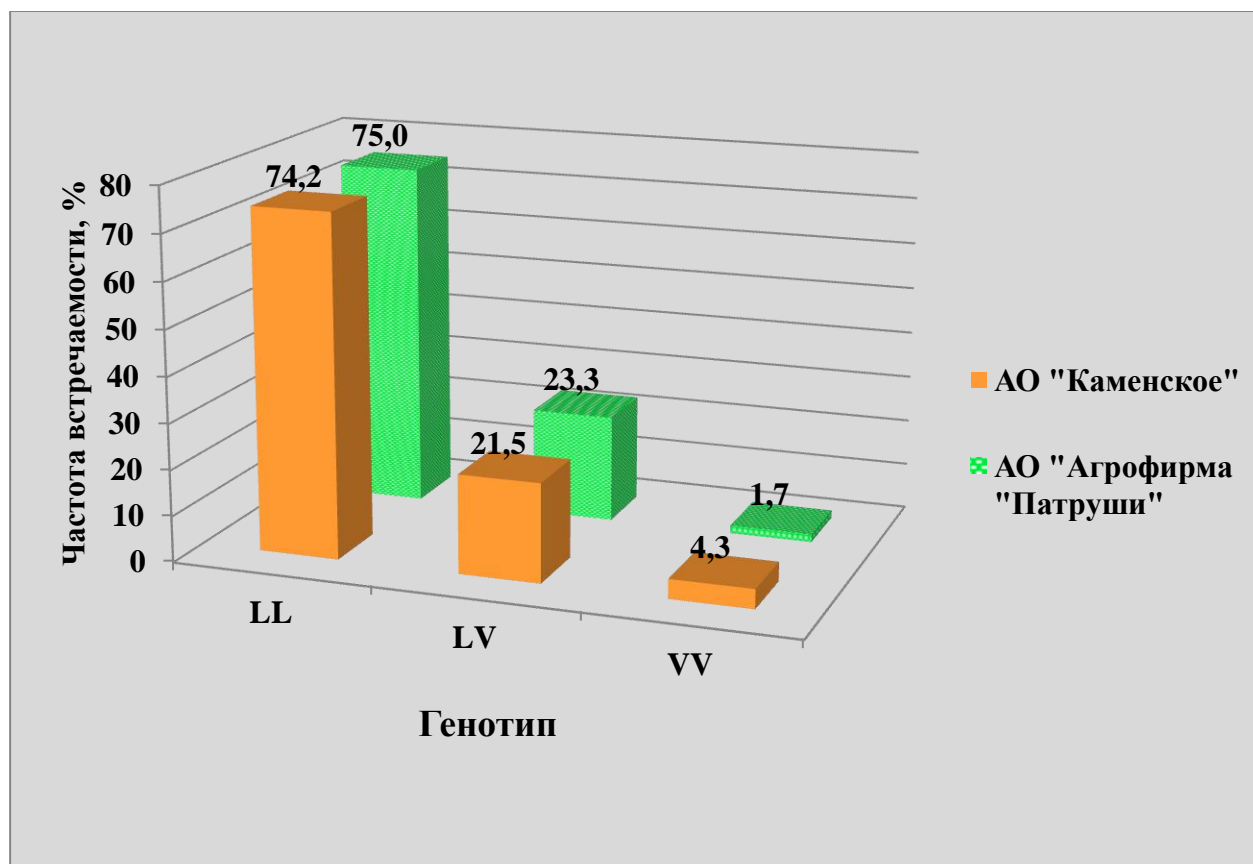


Рисунок 14 – Встречаемость различных генотипов гена гормона роста в выборке

В АО «Каменское» большинство животных имели генотип LL – 74,2 %. Коров с генотипом LV и VV меньше – 21,5 % и 4,3 % соответственно. В АО «Агрофирма «Патруши» наблюдается аналогичное распределение. Доля животных с генотипом LL составляет 75,0 %. Коровы с генотипом LV встречаются реже – 23,3 %. Коровы с генотипом VV встречаются в единичных случаях. Аналогичное распределение генотипов соматотропина выявлено Н.В. Макаровой с соавт. (2018) [71] на татарстанском крупном рогатом скоте и Л.Г. Сурундаевой (2016) [106] на калмыцком, казахском белоголовом, абердин-ангусском скоте. При этом у животных герефордской породы наблюдалось преобладание генотипа LV.

На рисунке 15 представлено распределение аллелей L и V у коров в АО «Каменское» и АО «Агрофирма «Патруши».

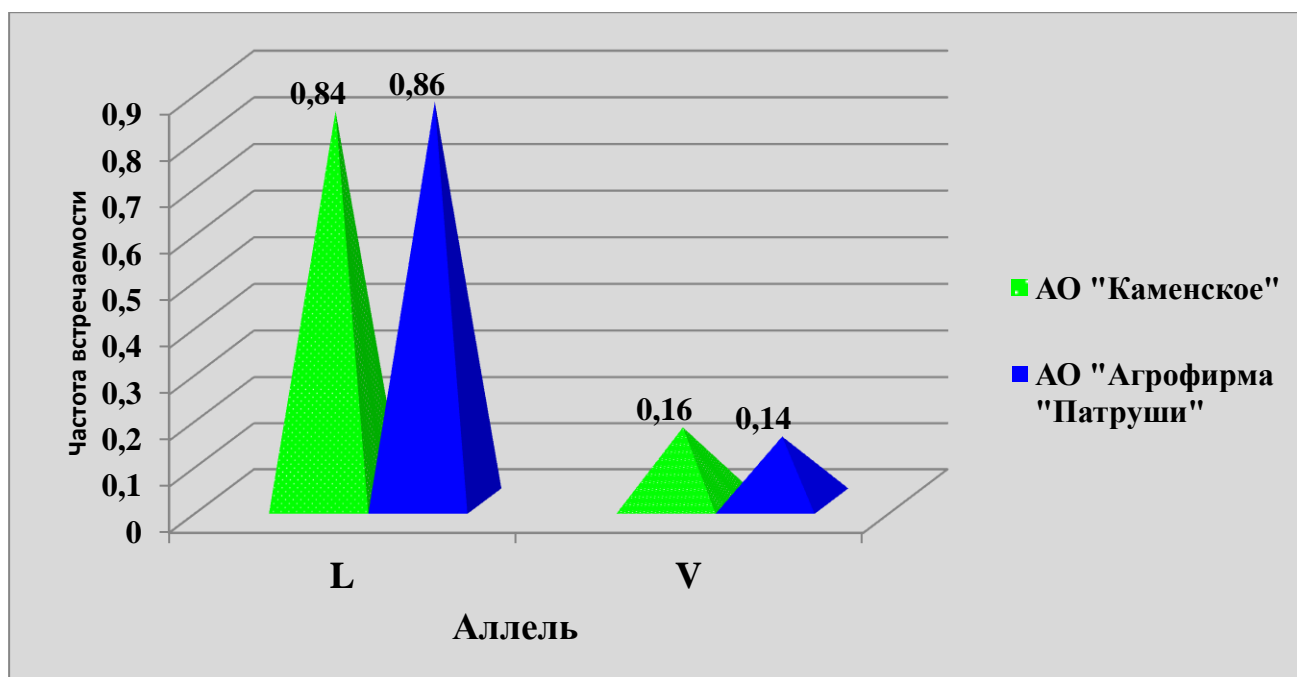


Рисунок 15 – Встречаемость различных аллелей гена гормона роста в выборке

У животных обеих племенных организаций широко распространен аллель L. Его частота встречаемости составляет 0,84 в АО «Каменское» и 0,86 в АО «Агрофирма «Патруши». Аллель V встречается редко, его частота не превышает 0,2 (А.А. Ярышкин с соавт., 2015) [146].

В таблицах 25-26 приведены результаты исследования взаимосвязи генотипов соматотропина с хозяйственно-полезными признаками коров за первую лактацию.

Таблица 25 – Показатели молочной продуктивности и живой массы коров за первую лактацию с различными генотипами соматотропина (GH) в АО «Каменское» (n=93) ($X \pm Sx$)

GH	Удой, кг	МДЖ, %	МДБ, %	Живая масса, кг
LL	8050±110	3,98±0,01	3,11±0,03	510±2
LV	7506±140	3,91±0,02	3,02±0,01	505±2
VV	5434±815	4,07±0,03	3,22±0,02	485±6
LV-LL	-544**	-0,07**	-0,09**	-5
VV-LL	-2616**	0,09**	0,11***	-25***

Показатели коров с генотипом LL по первой лактации превосходили показатели животных с генотипом LV на 544 килограмма молока по удою при $p \leq 0,01$, а с генотипом VV на 2616 килограмма молока по удою за 305 дней лактации при $p \leq 0,05$ ($r_s=0,44$, $p \leq 0,001$). Носители генотипа LL и на 5 килограмм по живой массе

превышали носителей генотипа LV ($p \leq 0,01$) и на 25 килограмм носителей VV при $p \leq 0,001$. Содержание жира животных с генотипом VV было выше, чем у животных с генотипом LL на 0,09 %, а с генотипом LV на 0,16 % при $p \leq 0,01-0,001$ ($r_s=0,42$, $p \leq 0,001$). По содержанию белка также носительницы генотипа VV превышали носительниц LL на 0,11 %, а носительниц LV на 0,2 % ($p \leq 0,001$) (А.А. Ярышкин, 2019) [144].

Таблица 26 – Показатели молочной продуктивности и живой массы коров за первую лактацию с различными генотипами соматотропина (GH) в АО «Агрофирма «Патруши» ($n=60$) ($X \pm Sx$)

Генотип соматотропина (GH)	Удой, кг	МДЖ, %	МДБ, %	Живая масса, кг
LL	9910±163	3,97±0,02	3,12±0,03	578±9
LV	9760±145	4,03±0,01	3,13±0,02	561±6
VV	8523±204	4,08±0,02	3,13±0,01	558±4
LV-LL	-150	0,06**	0,01	-17
LV-VV	1237***	-0,05*	-	3

В АО «Агрофирма «Патруши» животные с генотипом LL значительно превосходят коров с генотипом VV по удою. Разница составила 1237 кг ($p \leq 0,001$) ($r_s=0,31$, $p \leq 0,01$). Также коровы с генотипом LL обладают большей живой массой на 17 кг превышающей массу коров с генотипом LV. Животные с генотипом VV демонстрировали лучшие показатели содержания жира в молоке ($r_s=0,36$, $p \leq 0,01$). Разница со сверстницами составила 0,05-0,11 % ($p \leq 0,05-0,001$).

В таблицах 27-28 представлены результаты исследований взаимосвязи хозяйственно-полезных признаков коров за третью лактацию и LV-полиморфизма гена соматотропина.

Таблица 27 – Молочная продуктивность и живая масса коров за третью лактацию в зависимости от полиморфизма гена соматотропина (GH) в АО «Каменское» (n=93) ($X \pm Sx$)

Генотип соматотропина (GH)	Удой, кг	МДЖ, %	МДБ, %	Живая масса, кг
LL	8254±202	3,93±0,01	3,13±0,01	650±10
LV	8086±214	4,00±0,02	3,11±0,03	673±51
VV	6148±347	3,97±0,02	3,28±0,02	650±5
LV-LL	-168	0,07***	-0,02	23
VV-LL	-2106***	0,04*	0,15***	-

Животные с генотипом LL превосходили по удою за третью лактацию животных с LV на 168 килограмм. Разница с животными-носителями VV составляла 2106 килограмм при $p \leq 0,001$. Корреляция между удоем и носительством генотипов составляет 0,43 при $p \leq 0,001$. Носительницы генотипа VV имели высокое содержание белка в молоке ($r_s=0,48$, $p \leq 0,001$). Разница со сверстницами составляла от 0,15 % до 0,17 % ($p \leq 0,001$). Носительницы генотипа LV имели показатели МДЖ выше, чем носительницы LL на 0,07 % ($p \leq 0,001$) и VV на 0,03 %. Носительницы генотипа LV имели большую живую массу, чем животные с LL и VV. Разница достигала 23 кг (А.А. Ярышкин, 2018) [148].

Таблица 28 – Показатели молочной продуктивности и живой массы коров за третью лактацию с различными генотипами соматотропина (GH) в АО «Агрофирма «Патруши» (n=60) ($X \pm Sx$)

Генотип соматотропина (GH)	Удой, кг	МДЖ, %	МДБ, %	Живая масса, кг
LL	10946±117	3,99±0,03	3,21±0,01	654±19
LV	10380±250	3,97±0,02	3,20±0,02	647±7
VV	9363±178	3,95±0,02	3,32±0,01	694±11
LV-LL	-566*	-0,02	-0,01	-7
VV-LL	-1583***	-0,04	0,11***	40

У коров АО «Агрофирма «Патруши» наблюдается аналогичная зависимость между генотипами соматотропина и удоем за 305 дней третьей лактации. Коровы с генотипом LL имели наивысший удой, составляющий 10946 кг ($r_s=0,46$, $p \leq 0,001$). Также они превосходили по содержанию жира в молоке коров с генотипом LV на 0,02 %, а коров с генотипом VV на 0,05 % ($r_s=0,51$, $p \leq 0,001$). Животные с геноти-

пом VV склонны к повышенному содержанию белка в молоке и большей живой массе.

В таблицах 29-30 представлены результаты исследований взаимосвязи молочной продуктивности за 305 дней и живой массы коров по последней законченной лактации и LV-полиморфизма гена соматотропина.

Таблица 29 – Показатели молочной продуктивности и живой массы коров за последнюю законченную лактацию с различными генотипами соматотропина (GH) в АО «Каменское» (n=93) ($\bar{X} \pm S_x$)

Генотип соматотропина (GH)	Удой, кг	МДЖ, %	МДБ, %	Живая масса, кг
LL	8950±178	3,99±0,02	3,19±0,01	694±110
LV	8441±230	3,94±0,02	3,19±0,01	635±25
VV	7500±616	3,92±0,03	3,60±0,02	670±10
LV-LL	-509	-0,05	0	-59
VV-LL	-1450*	-0,07*	0,41*	-24

Животные АО «Каменское» с генотипом LL превосходили по удою за последнюю законченную лактацию животных с LV на 509 килограмм при $p \leq 0,05$, а животных с VV на 1450 килограмм при $p \leq 0,01$ ($r_s=0,44$, $p \leq 0,001$). Сравнивая показатели содержания белка в молоке, высокий уровень белка в молоке у коров-носительниц генотипа VV. Разница составила 0,41 % ($p \leq 0,05$) ($r_s=0,46$, $p \leq 0,001$). При этом, носительницы генотипа VV имели показатели МДЖ ниже, чем носительницы LL на 0,07 % ($p \leq 0,05$). Разница по живой массе между носительницами LL и VV составляла 24 килограмма (О.С. Шаталина, А.А. Ярышкин, 2019) [131].

Таблица 30 – Показатели молочной продуктивности и живой массы коров за последнюю законченную лактацию с различными генотипами соматотропина (GH) в АО «Агрофирма «Патруши» (n=60) ($X \pm Sx$)

Генотип соматотропина (GH)	Удой, кг	МДЖ, %	МДБ, %	Живая масса, кг
LL	10235±306	3,97±0,03	3,25±0,02	645±7
LV	9807±214	3,98±0,01	3,21±0,02	641±5
VV	8754±255	3,93±0,02	3,31±0,01	687±9
LV-LL	-428	0,01	-0,04	-4
VV-LL	-1481***	-0,04	0,06**	42***

В АО «Агрофирма «Патруши» показатели коров с генотипом LL по удою превышали сверстниц на 428-1481 кг ($r_s=0,52$, $p \leq 0,001$). У животных с генотипом LV были наивысшие показатели жира в молоке. Носительницы генотипа VV имели высокие показатели по массовой доле белка и набору живой массы. Разница по МДБ составила 0,06-0,1 % при $p \leq 0,01-0,001$, а по живой массе достигала 42 кг при $p \leq 0,001$.

В таблицах 31-32 представлены результаты исследований связи генотипов соматотропина с хозяйственно-полезными показателями коров за всю жизнь.

Таблица 31 – Показатели пожизненной молочной продуктивности и живой массы коров с различными генотипами соматотропина (GH) в АО «Каменское» (n=93) ($X \pm Sx$)

Генотип соматотропина (GH)	Удой, кг	МДЖ, %	МДБ, %	Живая масса, кг
LL	30120±2408	3,89±0,01	3,18±0,01	623±5
LV	27383±1264	3,89±0,01	3,17±0,02	634±9
VV	23117±853	3,87±0,02	3,21±0,01	605±18
LV-LL	-2737	-	-0,01	11
VV-LL	-7003**	-0,02	0,03	-18
LV-VV	4266**	0,02	-0,04***	29

Животные с генотипом LL имеют наивысший пожизненный удой. Разница со сверстницами составила 2737-7003 кг при $p \leq 0,01$ ($r_s=0,48$, $p \leq 0,001$). Коровы с генотипом LV показали лучшие результаты по живой массе. Разница по живой массе составила 11-29 кг. Носительницы генотипа VV имели лучшие результаты по содержанию белка в молоке. Разница составила 0,03-0,04 % ($r_s=0,36$, $p \leq 0,01$).

Таблица 32 – Показатели пожизненной молочной продуктивности и живой массы коров с различными генотипами соматотропина (GH) в АО «Агрофирма «Патруши» (n=60) ($X \pm Sx$)

Генотип соматотропина (GH)	Удой, кг	МДЖ, %	МДБ, %	Живая масса, кг
LL	54111±516	4,02±0,03	3,16±0,01	656±17
LV	48705±463	4,01±0,01	3,13±0,02	639±3
VV	45347±741	3,89±0,04	3,24±0,03	619±13
LV-LL	-5406***	-0,01	-0,03	-17
VV-LL	-8764***	-0,03	0,08*	-37
LV-VV	3358***	0,02	-0,11***	20

В АО «Агрофирма «Патруши» наблюдается аналогичная взаимосвязь по удою за 305 дней лактации. Коровы-носительницы генотипа LL превосходят сверстниц на 5406-8764 кг при $p \leq 0,001$ ($r_s=0,51$, $p \leq 0,001$). Коровы с генотипом LL имели большую живую массу, чем коровы с другими генотипами. Разница по живой массе составила 17-37 кг. Носительницы генотипа VV обладали наивысшей МДБ. Разница со сверстницами составила 0,08-0,11 % при $p \leq 0,05-0,001$ ($r_s=0,44$, $p \leq 0,001$). Выявленные закономерности о связи генотипа LL с удоем, а генотипа VV с молочным белком согласуются с результатами других исследователей (Позовникова М.В. с соавт., 2016, Макарова Н.В. с соавт., 2018) [87, 71].

На рисунке 16 приведена продолжительность хозяйственно-полезного использования коров с различными генотипами соматотропина.

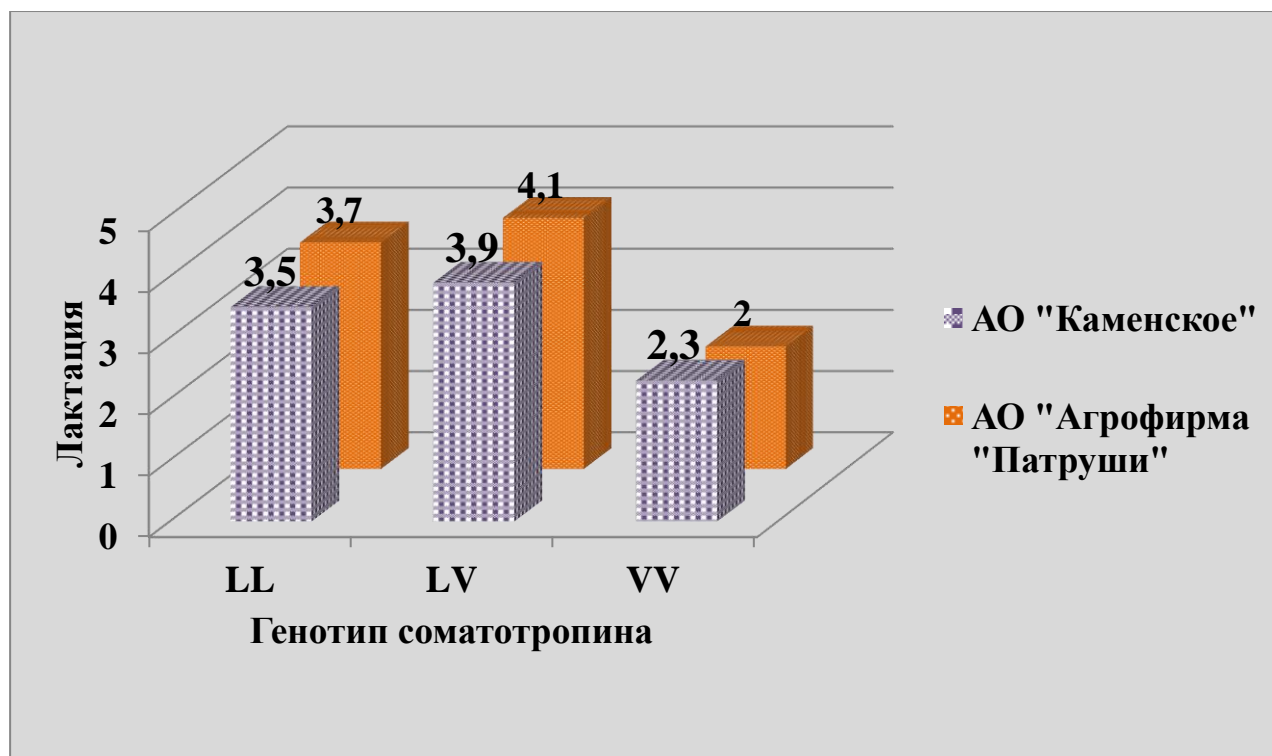


Рисунок 16 – Средняя продолжительность хозяйственно-полезного использования в зависимости от GH- полиморфизма гормона роста

У животных с генотипом LV в обеих исследованных сельскохозяйственных организациях, в среднем, продолжительность хозяйственно-полезного использования дольше, чем у коров с генотипом LL на 0,4 ($p \leq 0,05$), а животных с генотипом VV на 1,6-2,1 ($p \leq 0,05$) ($r_s = 0,32$, $p \leq 0,01$) (А.А. Ярышкин, 2020) [147].

По результатам исследований, коровы с генотипом LL показывают наивысшие показатели обильномолочности, что может способствовать растрате жизненных сил и ухудшению здоровья животных. Возможно, животные с генотипом LV обладают лучшим здоровьем и сопротивляемостью к бактериям и вирусам.

В таблицах 33-34 представлены результаты исследования влияния генотипов соматотропина на живую массу телок при первом осеменении.

Таблица 33 – Показатели живой массы телок при первом осеменении с различными генотипами соматотропина (GH) в АО «Каменское» (n=93) ($X \pm Sx$)

Генотип соматотропина (GH)	Живая масса при первом осеменении, кг	Возраст первого осеменения, дней
LL	411±1	473±5
LV	395±4	491±9
VV	387±5	500±21
LV-LL	-16**	18
VV-LL	-24	27

В настоящем исследовании установлено, что телки-носительницы генотипа LL быстрее достигали живой массы, необходимой для первого осеменения, в среднем на 473 день, что на 18 дней раньше носительниц генотипа LV, и на 27 дней раньше носительниц генотипа VV. Соответственно носительницы генотипа LL по живой массе превосходили носительниц генотипа LV на 16 килограммов и на 24 килограмма телок с генотипом VV (таблица 33). Это связано с тем, что телки с генотипом LL гена соматотропина росли и развивались интенсивнее, вследствие чего, раньше достигали живой массы, необходимой для первого осеменения (Yaryshkin A.A.et all, 2019) [172].

Таблица 34 – Показатели живой массы телок при первом осеменении с различными генотипами соматотропина (GH) в АО «Агрофирма «Патруши» (n=60) ($X \pm Sx$)

Генотип соматотропина (GH)	Живая масса при первом осеменении, кг	Возраст первого осеменения, дней
LL	408±3	417±3
LV	402±6	428±4
VV	398±4	444±11
LV-LL	-6	11*
VV-LL	-10*	27*

В АО «Агрофирма «Патруши» наилучшими показателями по первому осеменению обладали телки с генотипом LL. Разница со сверстницами по набору живой массы составила 6-10 кг, по возрасту первого осеменения 11-27 дней ($p \leq 0,05$).

В таблицах 35-36 отражены результаты исследования причин выбытия коров в зависимости от генотипов соматотропина.

Таблица 35 – Распределение причин выбытия коров с разными генотипами по гену соматотропина (GH) в АО «Каменское» (n=93)

Причина выбытия	Количество голов		
	LL	LV	VV
Болезни пищеварительной системы	9	1	1
Болезни обмена веществ	12	2	-
Болезни репродуктивной системы	15	4	-
Болезни вымени	9	3	-
Болезни конечностей	8	6	2
Болезни внутренних органов	1	2	-
Низкая продуктивность	1	-	-
Зообрак	5	-	1
Прочее	9	2	-
Итого	69	20	4

В АО «Каменское» животные с генотипом LL чаще всего выбывали по причине репродуктивных заболеваний. Выбытие из-за болезней внутренних органов и низкой продуктивности встречается крайне редко. Основной причиной выбытия носительниц генотипа LV являлись болезни конечностей. Их доля составляла 30 %. Болезни внутренних органов у коров с данным генотипом были редки. Полученные данные согласуются с результатами, полученными другими учеными, которые указывают на сопряженность генотипа LL с обильномолочностью.

Таблица 36 – Распределение причин выбытия коров с разными генотипами по гену соматотропина (GH) в АО «Агрофирма «Патруши» (n=60)

Причина выбытия	Количество голов		
	LL	LV	VV
Болезни пищеварительной системы	9	-	-
Болезни обмена веществ	5	-	1
Болезни репродуктивной системы	5	-	-
Болезни вымени	3	8	-
Болезни конечностей	16	2	-
Болезни внутренних органов	5	-	-
Прочее	2	4	-
Итого	45	14	1

Анализ распределения выбытия коров с разными генотипами по гену соматотропина установил, что основную часть у коров с генотипом LL составляли болезни конечностей – 16 животных. Также распространённым было выбытие по причине болезней пищеварительной системы – 9 животных. Редко встречались случаи выбытия по причине болезней вымени – 3 животных. Животные с генотипом LV чаще всего выбывали из-за болезней вымени – 8 животных, реже всего – по причине болезней конечностей – 2 животных. По животным с генотипом VV сложно сделать выводы о причинах выбытия ввиду его малой распространённости (таблица 36) (А.А. Ярышкин с соавт., 2021) [143].

2.2.6. Комплексные генотипы и их связь с хозяйственно-полезными признаками крупного рогатого скота

У 60 животных АО «Каменское» и 60 голов АО «Агрофирма «Патруши» определены комплексные генотипы по соматотропину и лептину. В таблицах 37-38 показана частота встречаемости комплексных генотипов.

Таблица 37 – Частота встречаемости комплексных генотипов соматотропин + лептин в АО «Каменское» (n=60)

Комплексный генотип	Частота встречаемости, %
LLCCAA	8,3
LLCCAV	3,3
LLCCVV	11,7
LLCRAA	15,0
LLCRAV	18,3
LLRRAA	16,7
LVCCAV	3,3
LVCCVV	5,0
LVCRAA	1,7
LVRRAA	11,7
VVCRAV	1,7
VVRRAA	3,3

Исходя из данных таблицы, следует, что наиболее распространенными комплексными генотипами являются LLCRAV – 18,3 %, LLRRAA – 16,7 %, LLCRAA – 15 %, LVRRAA и LLCCVV – 11,7 %. Крайне редкими генотипами чернопестрой породы определены LVCRAA и VVCRAV. Их частота встречаемости составляет 1,7 %.

Генотипы LVCCAA, LVCRAV, VVCCAA, VVCCAV, VVCCVV, VVCRAA отсутствовали в выборке АО «Каменское».

Ряд генотипов не встречается в связи с парным наследованием, генотип VV SNP A80V сцеплен с генотипом CC SN PR25C, в то время как генотип RR SNP R25C встречается только совместно с генотипом AA SNP A80V (Н.В. Ковалюк с соавт. (2018)) [52].

Таблица 38 – Частота встречаемости комплексных генотипов соматотропин + лептин в АО «Агрофирма «Патруши» (n=60)

Комплексный генотип	Частота встречаемости, %
LLCCAA	15,0
LLCCAV	5,0
LLCCVV	8,3
LLCRAA	16,7
LLCRAV	10,0
LLRRAA	18,3
LVCCAV	6,7
LVCCVV	1,7
LVCRAV	3,3
LVCRAA	3,3
LVRRAA	10,0
VVCCAV	1,7

В АО «Агрофирма «Патруши» лидирующее положение по частоте встречаемости занимает генотип LLRRAA – 18,3 %. Широкое распространение получили генотипы LLCRAA и LLCCAA. Их частота встречаемости составляет 16,7 и 15,0 % соответственно. Встречаемость генотипов LLCRAV и LVRRAA 10 %. Редкими генотипами являются LVCCVV и VVCCAV.

В таблицах 39-40 отражена зависимость молочной продуктивности за первую лактацию от комплексных генотипов.

Таблица 39 – Показатели молочной продуктивности коров с различными комплексными генотипами соматотропин + лептин за 305 дней первой лактации в АО «Каменское» (n=58) ($X \pm Sx$)

Комплексный генотип	Удой, кг	МДЖ, %	МДБ, %	Живая масса, кг
LLCCAA	5980±605	3,97±0,08	3,18±0,03	553±5
LLCCVV	6108±488	3,95±0,06	3,19±0,03	589±5***
LLCRAA	6369±322	3,90±0,03	3,20±0,02	562±7
LLCRAV	7146±442	3,85±0,04	3,18±0,02	567±6
LLRRAA	5934±409	3,91±0,05	3,19±0,02	562±4
LVCCVV	6506±686	3,98±0,05	3,17±0,05	553±7
LVRRAA	7285±546	3,87±0,05	3,16±0,02	575±18

Наиболее высоким удоем за 305 дней первой лактации обладают коровы с генотипом LVRRAA. Его носительницы превышают коров с генотипом LLRRAA на 1351 кг и коров с генотипом LLCCAA на 1305 кг ($r_s=0,33$, $p\leq 0,01$). Наивысшие показатели по содержанию жира в молоке у коров с генотипом LVCCVV – 3,98 %, по содержанию белка в молоке у носительниц LLCRAA – 3,2 %. Показатели живой массы коров за первую лактацию у коров с LLCCVV выше на 36 кг животных с генотипами LLCCAA и LVCCVV ($p\leq 0,001$).

Таблица 40 – Показатели молочной продуктивности коров с различными комплексными генотипами соматотропин + лептин за 305 дней первой лактации в АО «Агрофирма «Патруши» ($n=58$) ($X \pm Sx$)

Комплексный генотип	Удой, кг	МДЖ, %	МДБ, %	Живая масса, кг
LLCCAA	7952±204	3,86±0,04	3,12±0,02	565±11
LLCCAV	9145±185	3,96±0,02	3,10±0,01	571±5
LLCCVV	8693±320	3,74±0,03	3,11±0,01	578±4***
LLCRAA	8321±175	4,01±0,01	3,16±0,02	569±9
LLCRAV	9132±254	4,12±0,01	3,17±0,03	545±8
LLRRAA	8978±198	3,85±0,04	3,11±0,02	569±15
LVCCAV	7966±301	4,02±0,02	3,09±0,02	571±5
LVCRAV	8542±224	3,71±0,02	3,14±0,01	548±8
LVCRAA	9234±218	4,00±0,01	3,18±0,03	569±4
LVRRAA	9563±113***	4,02±0,03	3,15±0,02	554±6

Наивысший удой за первую лактацию показывают коровы-носительницы генотипа LVRRAA. Разница со сверстницами достигает 1611 кг ($p\leq 0,001$), корреляция составила $r_s=0,46$ при $p\leq 0,001$. По МДЖ лучшие показатели у животных с генотипом LLCRAV – 4,12 %. Коровы, имеющие генотип LVCRAA демонстрируют лучшие показатели по МДБ – 3,18 % ($r_s=0,26$, $p\leq 0,05$). Высокий показатель по набору живой массы обнаружен у животных с генотипом LLCCVV. Разница с носительницами LLCRAV составила 33 кг ($p\leq 0,001$).

В таблицах 41-42 отражена зависимость молочной продуктивности за третью лактацию от комплексных генотипов.

Таблица 41 – Показатели молочной продуктивности коров с различными комплексными генотипами соматотропин + лептин за 305 дней третьей лактации в АО «Каменское» (n=58) ($X \pm Sx$)

Комплексный генотип	Удой, кг	МДЖ, %	МДБ, %	Живая масса, кг
LLCCAA	9858±444	3,83±0,04*	3,20±0,03	608±12
LLCCVV	7269±748	3,88±0,02	3,20±0,03	623±17
LLCRAA	8396±621	3,90±0,02	3,18±0,02	615±13
LLCRAV	8205±734	3,91±0,01	3,19±0,02	617±12
LLRRAA	7424±626*	3,89±0,02	3,20±0,02	606±6
LVCCVV	8412±1108	3,87±0,02	3,19±0,02	614±21
LVRRAA	9889±604	3,90±0,02	3,18±0,02	621±10

Коровы с генотипом LVRRAA обладают склонностью к высокому удою за 305 дней третьей лактации. Разница с носительницами генотипа LLCCVV составляет 2620 кг, с животными с генотипом LLRRAA – 2465 кг ($p \leq 0,05$) ($r_s = 0,38$, $p \leq 0,01$). Высокие показатели по молочному жиру выявлены у животных с генотипом LLCRAV. Разница со сверстницами достигает 0,08 % ($p \leq 0,05$). Наибольшим набором живой массы отличались животные с генотипом LLCCVV. Разница достигала 17 кг.

Таблица 42 – Показатели молочной продуктивности коров с различными комплексными генотипами соматотропин + лептин за 305 дней третьей лактации в АО «Агрофирма «Патруши» (n=58) ($X \pm Sx$)

Комплексный генотип	Удой, кг	МДЖ, %	МДБ, %	Живая масса, кг
LLCCAA	9654±365	3,91±0,05	3,14±0,03	605±3
LLCCAV	9235±211	3,85±0,03	3,14±0,04	674±11
LLCCVV	10012±174	4,01±0,04	3,18±0,02	698±9
LLCRAA	9874±325	3,95±0,02	3,15±0,02	625±7
LLCRAV	9328±274	3,89±0,02	3,13±0,03	637±5
LLRRAA	9881±301	4,01±0,03	3,16±0,05	612±9
LVCCAV	8978±144***	4,11±0,05***	3,15±0,04	684±6
LVCRAV	9558±176	3,89±0,03	3,17±0,03	641±14
LVCRAA	9642±287	3,92±0,03	3,19±0,02	649±6
LVRRAA	10574±234***	3,97±0,04	3,16±0,02	638±8

В результате исследований выявлено, что лучшие показатели по удою за третью лактацию у коров с генотипом LVRRAA ($r_s = 0,56$, $p \leq 0,001$). Разница со сверстницами достигала 1159 кг ($p \leq 0,001$), наивысшие показатели по МДЖ де-

монстрируют носительницы генотипа LVCCAV. Превосходя носительниц генотипа LLCCAV на 0,26 % ($p \leq 0,001$). Показатели содержания белка в молоке выше у животных с генотипом LVCRAA и составляют 3,19 % ($r_s=0,4$, $p \leq 0,01$). Наивысшая живая масса отмечена у животных с генотипом LLCCVV.

В таблицах 43-44 представлены показатели молочной продуктивности по последней законченной лактации в АО «Каменское» и АО «Агрофирма «Патруши».

Таблица 43 – Показатели молочной продуктивности коров с различными комплексными генотипами соматотропин + лептин за 305 дней последней законченной лактации в АО «Каменское» ($n=58$) ($X \pm Sx$)

Комплексный генотип	Удой, кг	МДЖ, %	МДБ, %	Живая масса, кг
LLCCAA	7389±243	3,92±0,03	3,13±0,02	614±9
LLCCVV	9257±162	3,80±0,05	3,28±0,01	652±6
LLCRAA	8623±581	3,89±0,02	3,17±0,01	603±8
LLCRAV	7943±618	3,90±0,03	3,20±0,02	625±13
LLRRAA	8459±766	3,90±0,02	3,21±0,02	634±5
LVCCVV	8384±976	3,97±0,06*	3,27±0,04	636±32
LVRRAA	9733±571***	3,92±0,04	3,20±0,03	610±9

В АО «Каменское» наблюдаются высокие показатели по удою у животных с генотипом LVRRAA. Разница со сверстницами достигает 2344 кг ($p \leq 0,001$) ($r_s=0,42$, $p \leq 0,001$). Лучшей живой массой и содержанием белка в молоке обладают животные с генотипом LLCCVV. Носительницы генотипа LVCCVV демонстрируют повышенное содержание жира в молоке. Разница достигала 0,17 % ($p \leq 0,05$).

Таблица 44 – Показатели молочной продуктивности коров с различными комплексными генотипами соматотропин + лептин за 305 дней последней законченной лактации в АО «Агрофирма «Патруши» (n=58) ($X \pm Sx$)

Комплексный генотип	Удой, кг	МДЖ, %	МДБ, %	Живая масса, кг
LLCCAA	10520±521	3,90±0,03	3,19±0,02	622±10
LLCCAV	9633±402	4,00±0,02	3,20±0,02	632±4
LLCCVV	9851±265	3,95±0,03	3,13±0,03	711±13***
LLCRAA	9325±223	4,01±0,04	3,15±0,04	646±5
LLCRAV	8966±174	4,11±0,01	3,17±0,02	641±8
LLRRAA	10807±364	3,95±0,01	3,18±0,01	687±11
LVCCAV	10922±518	3,98±0,04	3,20±0,03	655±14
LVCRAV	9411±387	4,12±0,02	3,14±0,02	690±7
LVCRAA	9746±474	3,74±0,02	3,22±0,03	674±9
LVRRAA	11023±322	3,78±0,03	3,17±0,04	688±8

В АО «Агрофирма «Патруши» высокий удой по последней законченной лактации показали коровы с генотипом LVRRAA. Удой животных превышал 11000 кг. Корреляция между комплексными генотипами и удоём за последнюю законченную лактацию составляла 0,44 при $p \leq 0,001$. Коровы с генотипом LVCRAV обладали увеличенной МДЖ, а с генотипом LVCRAA – большей МДБ ($r_s=0,38$, $p \leq 0,01$). Животные с генотипом LLCCVV превосходили сверстниц по живой массе на 89 кг ($p \leq 0,001$).

В таблицах 45-46 отражена зависимость пожизненной молочной продуктивности от комплексных генотипов.

Таблица 45 – Влияние комплексных генотипов соматотропин + лептин на показатели пожизненной продуктивности в АО «Каменское» (n=58) ($X \pm Sx$)

Комплексный генотип	Удой, кг	МДЖ, %	МДБ, %	Живая масса, кг
LLCCAA	22524±2278	3,87±0,02	3,15±0,01	613±12
LLCCVV	26119±2245	3,89±0,02	3,18±0,01	645±8
LLCRAA	24454±1787	3,86±0,02	3,16±0,01	606±7
LLCRAV	28099±2406	3,88±0,01	3,19±0,01	625±5
LLRRAA	31829±1655	3,90±0,01	3,21±0,01	642±14
LVCCVV	30867±2643	3,92±0,04***	3,27±0,03***	633±9
LVRRAA	31899±1544**	3,91±0,03	3,22±0,01	625±12

При исследовании пожизненной молочной продуктивности коров в зависимости от комплексных генотипов по соматотропину и лептину выявлено, что наивысший удой наблюдается у коров с генотипом LVRRAA и составляет 31899 кг ($r_s=0,45$, $p\leq 0,001$). Разница со сверстницами достигает 9375 кг ($p\leq 0,01$). Носительницы генотипа LVCCVV показывают высокие показатели по МДЖ и МДБ. Разница составляет 0,05-0,12 % ($p\leq 0,001$). Повышенная живая масса выявлена у коров с генотипами LLRRAA и LLCCVV.

Таблица 46 – Влияние комплексных генотипов соматотропин + лептин на показатели пожизненной продуктивности в АО «Агрофирма «Патруши» (n=58) ($X \pm S_x$)

Комплексный генотип	Удой, кг	МДЖ, %	МДБ, %	Живая масса, кг
LLCCAA	44223±1152	3,98±0,04	3,18±0,01	674±13
LLCCAV	47896±1264	4,00±0,03	3,13±0,04	671±9
LLCCVV	51203±708	3,97±0,03	3,15±0,03	695±26
LLCRAA	50665±812	3,65±0,02	3,15±0,03	652±21
LLCRAV	50874±1144	4,11±0,03	3,17±0,06	633±8
LLRRAA	47320±1876	4,02±0,02	3,16±0,03	647±5
LVCCAV	51479±965	3,87±0,05	3,14±0,03	678±14
LVCRAV	49811±325	3,98±0,04	3,18±0,02	680±17
LVCRAA	48633±896	4,13±0,02	3,19±0,04	672±24
LVRRAA	55632±614	3,85±0,03	3,16±0,02	653±18

В АО «Агрофирма «Патруши» у коров с генотипом LVRRAA отмечены высокие показатели пожизненного удоя, составляющие 55632 кг ($r_s=0,43$, $p\leq 0,001$). Наивысшая живая масса установлена у коров-носительниц генотипа LLCCVV. Высокие показатели по МДЖ и МДБ демонстрируют животные с генотипом LVCRAA. Разница со сверстницами достигает 0,06-0,48 %.

В таблицах 47-48 представлена продолжительность хозяйственно-полезного использования коров различных генотипов.

Таблица 47 – Влияние комплексных генотипов соматотропин + лептин на продолжительность срока хозяйственно-полезного использования в АО «Каменское» (n=58) ($X \pm Sx$)

Комплексный генотип	Лактации	Дойные дни	Молочная продуктивность за дойный день, кг
LLCCAA	3,4±0,7	1031±108	22
LLCCVV	3,6±0,2	1244±93	24
LLCRAA	4,3±0,3	1271±78	23
LLCRAV	3,0±0,4	959±41	23
LLRRAA	4,0±0,4	1227±102	24
LVCCVV	3,7±0,3	1246±92	23
LVRRAA	4,3±0,5	1217±132	25

Наибольшее количество лактаций и дойных дней наблюдается у коров с генотипами LLCRAA и LVRRAA. Разница со сверстницами составляет 1,3 лактации и 312 дойных дней. При этом наивысшая молочная продуктивность за 1 день отмечена у коров с генотипом LVRRAA и составляет 25 кг.

Таблица 48 – Влияние комплексных генотипов соматотропин + лептин на продолжительность срока хозяйственно-полезного использования в АО «Агрофирма «Патруши» (n=58) ($X \pm Sx$)

Комплексный генотип	Лактации	Дойные дни	Молочная продуктивность за дойный день, кг
LLCCAA	4,1±0,7	1100±98	31
LLCCAV	4,4±0,5	1032±111	35
LLCCVV	3,9±0,3	1250±103	32
LLCRAA	3,8±0,2	1144±54	30
LLCRAV	4,1±0,3	1314±78	32
LLRRAA	4,6±0,5	1087±120	30
LVCCAV	3,9±0,4	1065±95	34
LVCRAV	4,2±0,8	1198±76	31
LVCRAA	4,8±0,3	1254±102	30
LVRRAA	3,7±0,5	1037±49	35

В АО «Агрофирма «Патруши» максимальный срок хозяйственного использования и количество дойных дней наблюдается у коров с генотипом LVCRAA ($r_s=0,48$, $p \leq 0,001$). Разница со сверстницами составила 1 лактацию и 222 дойных

дня. При этом наивысшая молочная продуктивность за 1 дойный день установлена у коров с генотипами LLCCAV и LVRRAA.

В таблицах 49-50 представлены показатели первого осеменения животных с разными комплексными генотипами.

Таблица 49 – Влияние комплексных генотипов соматотропин + лептин на показатели живой массы телок при первом осеменении в АО «Каменское» (n=58) ($\bar{X} \pm S_x$)

Комплексный генотип	Возраст 1 плодотв. осем., дн.	Живая масса 1 плодотв. осем.	ПХИ (мес.)
LLCCAA	552±33	405±14	39±4
LLCCVV	513±9	414±8	47±3
LLCRAA	501±30	391±12	47±3
LLCRAV	489±18	385±8	36±2
LLRRAA	504±18	401±10	40±4
LVCCVV	540±45	399±23	47±4
LVRRAA	513±27	407±13	46±5

Наивысшая масса первого осеменения установлена у телок с генотипом LLCCVV и составляет 414 кг. Телки с генотипом LLCRAV осеменялись раньше сверстниц на 51 день.

Таблица 50 – Влияние комплексных генотипов соматотропин + лептин на показатели живой массы телок при первом осеменении в АО «Агрофирма «Патруши» (n=58) ($\bar{X} \pm S_x$)

Комплексный генотип	Возраст 1 плодотв. осем., дн.	Живая масса 1 плодотв. осем.	ПХИ (мес.)
LLCCAA	475±11	420±5	40±4
LLCCAV	452±23	375±8	42±3
LLCCVV	437±21	434±17	37±3
LLCRAA	463±14	349±16	37±2
LLCRAV	411±18	358±21	36±3
LLRRAA	427±24	414±11	42±5
LVCCAV	432±30	368±26	44±2
LVCRAV	482±25	357±18	43±2
LVCRAA	419±9	401±13	47±6
LVRRAA	454±18	415±28	45±3

В АО «Агрофирма «Патруши» наблюдается аналогичная закономерность. Телки с генотипом LLCRAV осеменяются раньше сверстниц на 71 день ($p \leq 0,05$).

Наивысшая масса телок при первом осеменении установлена у носительниц генотипа LLCCVV.

В таблицах 51-52 представлены причины выбытия коров в зависимости от комплексных генотипов.

Таблица 51– Распределение причин выбытия коров с разными комплексными генотипами соматотропин + лептин в АО «Каменское» (n=60)

Причина выбытия	Количество голов											
	L	L	L	L	L	L	L	L	L	L	V	V
	L	L	L	L	L	L	V	V	V	V	V	V
	C	C	C	C	C	R	C	C	C	R	C	R
	C	C	C	R	R	R	C	C	R	R	R	R
	A	A	V	A	A	A	A	V	A	A	A	A
A	V	V	A	V	A	V	V	A	A	V	A	
Болезни пищеварительной системы	-	2	-	-	2	-	1	-	-	-	1	-
Болезни обмена веществ	2	-	-	-	-	1	-	-	1	1	-	-
Болезни репродуктивной системы	4	-	-	-	4	3	1	2	-	1	-	-
Болезни вымени	3	-	-	3	2	1	-	-	1	2	-	-
Болезни конечностей	-	-	4	3	1	-	-	3	1	1	1	1
Болезни внутренних органов	-	-	1	-	-	-	-	-	2	-	-	-
Низкая продуктивность	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-
Зообрак	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-
Прочее	1	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-
Итого	10	2	5	6	11	5	2	5	5	6	2	1

В ходе проведенных исследований выявлено, что основной причиной выбытия коров с генотипом LLCCVV являются болезни конечностей. Коровы с генотипом LLCRAV, LLRRAA часто выбывают по причине болезней репродуктивной системы. Причины выбытия коров с остальными генотипами распределены равномерно и представлены двумя-тремя животными, что не позволяет сделать объективный вывод о связи данных генотипов с причинами выбытия.

Таблица 52 – Распределение причин выбытия коров с разными комплексными генотипами соматотропин + лептин в АО «Агрофирма «Патруши» (n=60)

Причина выбытия	Количество голов											
	L	L	L	L	L	L	L	L	L	L	L	V
	L	L	L	L	L	L	V	V	V	V	V	V
	C	C	C	C	C	R	C	C	C	C	R	C
	C	C	C	R	R	R	C	C	R	R	R	C
	A	A	V	A	A	A	A	V	A	A	A	A
	A	V	V	A	V	A	V	V	V	A	A	V
Болезни пищеварительной системы	-	-	2	4	1	2	-	-	-	-	-	-
Болезни обмена веществ	-	-	-	1	1	3	-	-	-	-	-	1
Болезни репродуктивной системы	-	1	-	2	1	1	-	-	-	-	-	-
Болезни вымени	-	-	-	3	-	-	-	-	3	1	4	-
Болезни конечностей	2	1	6	1	4	2	-	-	-	2	-	-
Болезни внутренних органов	2	1	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-
Прочее	-	-	-	2	-	-	2	1	-	1	-	-
Итого	4	3	8	13	7	10	2	1	3	4	4	1

Основной причиной выбытия коров с генотипом LLCCVV в АО «Агрофирма «Патруши» является болезни конечностей. Болезни конечностей так же распространены у коров с генотипом LLCRAV. Коровы-носительницы генотипа LLCRAA в 30 % случаев выбывают по причине болезней пищеварительной системы. Носительницы генотипов LVCRAV и LVRRAA в данной сельскохозяйственной организации склонны к болезням вымени.

2.2.7. Экономическая эффективность селекции крупного рогатого скота по комплексным генотипам соматотропина и лептина

Расчет экономической эффективности получения дополнительной молочной продукции при использовании комплексного генотипирования коров по генам соматотропина и лептина проведен из соотношения стоимости молока за всю

жизнь коров с разными комплексными генотипами и расходов на содержание коров за всю жизнь. У коров разных генотипов сроки продуктивного долголетия и сроки осеменения отличались, и все животные одной сельскохозяйственной организации находились в одинаковых условиях содержания и кормления, поэтому стоимость пожизненного содержания одной коровы рассчитывалась исходя из сроков её продуктивного долголетия. За контроль принималась стоимость молока за всю жизнь коров с наименьшим удоем и большим распространением в выборке. Дополнительными затратами при использовании отбора животных по комплексным генотипам служит определение комплексных генотипов соматотропина и лептина, составляющее 1050 рублей на одну голову.

Таблица 53 – Эффективность приемов увеличения продуктивности за счет селекции крупного рогатого скота по комплексным генотипам

Комплексный генотип	LLCCVV	LLCRAA	LLCRAV	LLRRAA	LVRRAA
АО «Каменское»					
Цена 1 кг молока, руб.	28				
Стоимость содержания коровы за всю жизнь, руб.	700 000	750000	885 000	890 000	880 000
Цена комплексного генотипирования 1 головы, руб.	1050				
Пожизненный удой, кг	26119	24454 (контроль)	28099	31829	31899
Стоимость реализации молока за ПХИ, руб.	731 332	684 712	786 772	891 212	893 172
УЧД, руб.	+46 620	контроль	+102 060	+206 500	+208 460
Рентабельность, %	6,6	контроль	11,5	23,2	23,7
АО «Агрофирма «Патруши»					
Цена 1 кг молока, руб.	28				
Стоимость со-	1 354 000	1 400 000	1 410 000	1 250 000	1 500 000

держания коровы за всю жизнь, руб.					
Цена комплексного генотипирования 1 головы, руб.	1050				
Пожизненный удой, кг	51203	50665	50874	47320 (контроль)	55632
Стоимость реализации молока за ПХИ, руб.	1 433 684	1 418 620	1 424 472	1 324 960	1 557 696
УЧД, руб.	+108 724	+93 660	+99 512	контроль	+232 736
Рентабельность, %	8,0	6,7	7,0	контроль	15,5

Разведение коров-носительниц генотипа LVRRAA выгодно сельскохозяйственным организациям. Разница в прибыли за реализованное за всю жизнь молоко составила 208460 рублей в АО «Каменское» и 232736 рублей в АО «Агрофирма «Патруши» по сравнению с контрольными группами. Рентабельность за счет селекции животных с генотипом LVRRAA в АО «Каменское» достигает 23,7 %, а в АО «Агрофирма «Патруши» – 15,5 %.

ВЫВОДЫ

1. Исследование R25C-полиморфизма гена лептина показало, что наиболее распространены животные с генотипом CR – 45,1-47,3 % и с аллелем C – 0,52-0,55. При изучении A80V-полиморфизма гена лептина установлено, что у коров преобладает генотип AA – 56,7-58,3 % и аллель A – 0,70-0,72. В голштинизированной черно-пестрой породе Y7F-полиморфизм гена лептина представлен только одним генотипом – YY. В ходе исследования частоты встречаемости генотипов и аллелей LV-полиморфизма гена соматотропина выявлено, что наибольшее распространение получил генотип LL – 74,2-75,0 % и аллель L – 0,84-0,86. Среди комплексных генотипов по генам соматотропина и лептина часто встречаются генотипы LLCRAV и LLRRAA – 18,3 %.

2. Наивысшие показатели удоя по первой, третьей и пожизненной продуктивности установлены у коров с генотипом RR по R25C-полиморфизму гена лептина. Разница со сверстницами доходила до 1800 кг. Значимого влияния гена лептина R25C на массовую долю жира и белка в молоке и живую массу коров в ходе исследования не установлено. Максимальная продолжительность хозяйственного использования наблюдается у коров с генотипом CR и составляет 4,8 лактаций. Животные с генотипом CR также имели наиболее низкий возраст первого осеменения, составляющий 14,1-16,2 месяцев. Взаимосвязи между SNP R25C гена лептина и причинами выбытия коров не установлены.

3. При исследовании A80V-полиморфизма гена лептина выявлено, что удой коров-носительниц генотипа AA за первую лактацию выше, чем носительниц AV и VV. Носительницы генотипа AV имеют более высокое содержание жира и белка в молоке, на 0,05-0,07 % выше, чем у сверстниц. Наличие в генотипе аллеля A полиморфизма гена лептина A80V обуславливает более длительный период хозяйственно-полезного использования на 1,6-2,1 лактации, чем у носительниц гомозиготы VV. Животные с генотипом VV также имели более высокую массу и увели-

ченный возраст первого осеменения. Взаимосвязи между A80V полиморфизмом гена лептина и причинами выбытия коров не установлены.

4. Наивысшие показатели по удою за первую, третью, последнюю законченную лактацию и по пожизненному удою выявлены у коров с генотипом LL по LV-полиморфизму гена соматотропина. Разница со сверстницами составила 500-1500 кг, а по пожизненному удою достигала 8000 кг. Лучшие показатели МДБ отмечены у животных с генотипом VV. Разница со сверстницами составила 0,06-0,41 %. Генотип имеющий тенденцию к увеличению массовой доли жира не выявлен. Наивысшая продолжительность хозяйственного использования у коров с генотипом LV – 3,9-4,1 лактаций. Телки-носительницы генотипа LL быстрее набирают живую массу, необходимую для первого осеменения. Разница со сверстницами составила 11-27 дней. Исследование причин выбытия коров в зависимости от генотипов соматотропина не выявило закономерностей.

5. При исследовании связи комплексных генотипов с показателями удоя коров выявлено, что наивысший удой за первую, третью, последнюю законченную лактацию и пожизненный удой у коров с генотипом LVRRAA, разница составляет 1100-2600 кг, а по пожизненной продуктивности доходит до 11000 кг. Наивысшие показатели по МДБ демонстрируют носительницы генотипа LVCRAA. Комплексный генотип, отвечающий за увеличение массовой доли жира, не выявлен. Наибольшая продолжительность хозяйственного использования также у коров с генотипом LVCRAA – 4,8 лактаций, при этом животные с LVRRAA имеют наивысший удой за дойный день, составляющий 25-35 кг. Телки с генотипом LLCRAV осеменялись раньше сверстниц на 51-71 день. Взаимосвязи между комплексными генотипами по соматотропину и лептину и причинам выбытия коров не установлено.

6. Экономическая эффективность от использования коров с генотипом LVRRAA составляет 46620-232736 рублей, а рентабельность достигает 23,7 %.

ПРЕДЛОЖЕНИЯ ПРОИЗВОДСТВУ

Зоотехникам и специалистам сельскохозяйственных организаций для повышения объемов производства молока рекомендуется вести селекцию крупного рогатого скота на увеличение количества животных носителей генотипов LVRRAA и LVCRAA. Распространение комплексного генотипа LVRRAA в стадах позволит увеличить пожизненный удой на 7-8 тысяч литров на голову. С целью возрастания сроков хозяйственного использования коров предлагаем увеличивать количество животных с генотипом LVCRAA.

Селекционерам рекомендуется подбор быков-производителей, имеющих желаемые комплексные генотипы при их закреплении в стадах для ведения направленной селекции.

Специалистам племенных центров рекомендуется определение комплексных генотипов и внесение их в каталог быков-производителей.

ПЕРСПЕКТИВЫ ДАЛЬНЕЙШЕЙ РАЗРАБОТКИ ТЕМЫ

Планируется определение генотипов соматотропина и лептина у герефордской, симментальской и абердин-ангусской пород. Также будут проведены исследования полиморфизма таких генов, как В-лактоглобулин, каппа-казеин, В-казеин, пролактин и связи генотипов с хозяйственно-полезными признаками, что позволит совершенствовать генофонд крупного рогатого скота с использованием современных достижений генетики.

СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННОЙ ЛИТЕРАТУРЫ

1. Алексеев Я.И. Приборы для диагностики биологических объектов на основе метода полимерзано́й цепной реакции в реальном времени (ПЦР-РВ) / Я.И. Алексеев, Ю.В. Белов, Д.А. Варламов Д.А., С.В. Коновалов, В.Е. Курочкин, Н.Ф. Макарушин, А.И. Петров, А.О. Петряков, Д.А. Румянцев, Е.Ю. Скоблилов, В.Н. Соколов, В.А. Фесенко, А.В. Чернышев // Научное приборостроение. – 2006. – Т.16. – № 3. С. – 132-136.
2. Алтухов Ю. П. Полиморфизм ДНК в популяционной генетике / Ю. П. Алтухов, Е. А. Салменкова // Генетика. – 2002. – Т. 38. – № 9. – С.1173-1195.
3. Антонова О.С. Полимеразная цепная реакция: Приборная и методическая реализация. Обзор аналитических характеристик / О.С. Антонова, Г.Е. Рудницкая, А.Н. Тупик, А.Л. Буляница, А.А. Евстапов, В.Е. Курочкин // Научное приборостроение. – 2011. – Т. 21. – № 4. – С. 5-21.
4. Арнаутовский И.Д. Проблемы и предложения по генетическому усовершенствованию животных в дальневосточном федеральном округе / И.Д. Арнаутовский, В.А. Гоголов, Е.В. Талалай // Дальневосточный аграрный вестник. – 2017. – № 3 (43). – С. 75-83.
5. Ахатова И. Мы сохраним породу / И. Ахатова // Сельские узоры. – 2002. – № 1. – С. 15.
6. Бабий А.В. Способ контроля взятия биологического материала у крупного рогатого скота при проведении исследований методами полимеразной цепной реакции / А.В. Бабий // Материалы VIII Московского Международного Конгресса «Биотехнология: состояние и перспективы развития». ЗАО «Экспо-биохим-технологии», РХТУ им. Д.И. Менделеева. – Москва, 2015. – С. 211-212.
7. Багаль И.Е. Молочная продуктивность коров холмогорской породы с разными генотипами генов гормонов / И.Е. Багаль, И.Ю. Павлова, Л.А. Калашникова, В.Л. Ялуга // Зоотехния. – 2015. – № 9. – С. 23-26.

8. Баранников А.И. Продуктивное долголетие крупного рогатого скота / А.И. Баранников, В.С. Шаталов, С.В. Шаталов Продуктивное долголетие крупного рогатого скота // Вестник Донского государственного аграрного университета. – 2011. – № 1 (1). – С. 3-10.

9. Баранов А.В. Генетическое обоснование системы разведения скота костромской породы / А.В. Баранов, Н.С. Баранова, М.В. Сиротина, О.С. Егоров, И.Ю. Подречнева // Молочное и мясное скотоводство. – 2016. – № 4. – С. 13-16.

10. Барашкин М.И. Продуктивное долголетие крупного рогатого скота при промышленных технологиях содержания / М.И. Барашкин // Аграрный вестник Урала. – 2015. – № 1 (131). – С. 33-37.

11. Бейшова И.С. Характеристика генетической структуры селекционного поголовья аулиекольской и казахской белоголовой пород по полиморфным генам соматотропинового каскада / И.С. Бейшова, Б.Б. Траисов, В.И. Косилов // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. – 2017. – № 6 (68). – С. 261-265.

12. Бекенев В.А. Продуктивное долголетие животных, способы его прогнозирования и продления / В.А. Бекенев // Сельскохозяйственная биология. – 2019. – Т. 54. – № 4. – С. 655-666.

13. Бобрышова Г.Т. Влияние генотипа по локусам соматотропина и лептина на продуктивность мясного скота казахской белоголовой породы / Г.Т. Бобрышова, Н.В. Сулыга, Г.П. Ковалева, М.Н. Лапина, В.А. Витол // Новости науки в АПК. – 2019. – № 3 (12). – С. 160-164.

14. Большакова Е.С. Генетические маркеры в животноводстве / Е.С. Большакова, Е.В. Хозикова // Сборник трудов конференции «Студенческая наука – первый шаг в академическую науку». – Чебоксары, 2020. – С. 421-423.

15. Вафин Р.Р. Проблема контаминации в ПЦР-лаборатории. Способы деконтаминации / Р.Р. Вафин, И.В. Пикалова, Ф.Ф. Замалиева, Т.М. Ахметов, Р.Х. Равилов // Ветеринарная практика. – 2008. – № 4 (43). – С. 56-61.

16. Гайнутдинова Э.Р. Влияние полиморфизма гена лептина (LEP) на молочную и мясную продуктивность коров первотелок голштинской породы / Э.Р. Гайнутдинова, Н.Ю. Сафина, Ш.К. Шакиров, М.И. Варламова // Ученые записки Казанской государственной академии ветеринарной медицины им. Н.Э. Баумана. – 2021. – Т. 245. – № 1. – С. 24-28.

17. Ганджа А.И. Полиморфизм гена лептин и его влияние на показатели молочной продуктивности коров / А.И. Ганджа, О.П. Курак, Н.В. Журина, М.А. Ковальчук, Л.Л. Леткевич, В.П. Симоненко, И.В. Кириллова, Ж.А. Грибанова // Зоотехническая наука Беларуси. – 2017. – Т. 52. – № 1. – С. 37-45.

18. Генджиева О.Б. Генетические аспекты селекции калмыцкого скота. Монография. / О.Б. Генджиева, В.И. Аджаяев, Л.Г. Моисейкина. – Элиста, 2012. – 178 с.

19. Глазко В.И. Видоспецифичные ISSR-PCR маркеры и пути их формирования / В.И. Глазко, А.В. Феофилов, Н.В. Бардуков, Т.Т. Глазко // Известия ТСХА. – 2012. – №1. – С. 118-125.

20. Глазко В. И. ISSR-PCR маркеры и мобильные генетические элементы в геномах сельскохозяйственных видов млекопитающих / В.И. Глазко, Е.А. Гладырь, А.В. Феофилов, Н.В. Бардуков // Сельскохозяйственная биология. – 2013. – № 2. С. – 71-76.

21. Глик Б. Молекулярная биотехнология. Принципы и применение. Пер. с англ. / Б. Глик, Дж. Пастернак – Москва. Изд-во «Мир», 2002. – 589 с.

22. Гончаренко Г.М. Генетическая структура казахской белоголовой породы крупного рогатого скота по генам молочных белков и гормонов и их связь с энергией роста молодняка / Г.М. Гончаренко, Н.Б. Гришина, Т.С. Хорошилова, Н.Н. Кочнев, А.А. Унжакова // Достижения науки и техники АПК. – 2020. – Т. 34. – № 5. – С. 61-64.

23. Горбунов В.Г. Роботизированный комплекс для молекулярно-генетических исследований / В.Г. Горбунов, Я.И. Алексеев, А.В. Веретенников, Н.Б. Анели // Материалы конференции «Информационные технологии в науке, образовании и управлении». – Гурзуф, 2015. – С. 51-54.

24. Горлов И.Ф. Эффективность производства животноводческого сырья и производимой из него продукции на основе современных технологий. Рекомендации. / И.Ф. Горлов, М.И. Сложенкина, Н.И. Мосолова, Е.Ю. Злобина, А.В. Куликовский, Н.В. Широкова, Р.С. Омаров. – Волгоград, 2015. – 55 с.

25. Грачев В.С. Повышение продолжительности хозяйственного использования молочного скота. / В.С. Грачев, А.Ю. Шуклина // Электронный ресурс. Режим доступа: <http://milknet.ru/info/show?id=7>. Дата обращения 18.02.2014.

26. Гридина С.Л. Современное состояние и перспективы развития молочного скотоводства на Урале. Монография. / С.Л. Гридина, В.С. Мымрин, В.Ф. Гридин, Н.Н. Зезин, И.В.Ткаченко, О.И. Лешонок, С.В. Мымрин, М.Н. Морозова, О.А. Ткачук. – Екатеринбург. Изд-во «ООО «Веселый пиксель», 2018. – 150 с.

27. Дашковская А.Г. Актуальные проблемы высокоточной одностадийной ПЦР-диагностики / А.Г. Дашковская, П.Н. Дробот, С.Н. Мрыхин // Путь науки. – 2015. – № 11 (21.) – С. 42-44.

28. Дашковская А.Г. Устройство ПЦР-амплификатора, работающего в режиме реального времени / А.Г. Дашковская, С.Н. Мрыхин, П.Н. Дробот // Научные исследования: от теории к практике. – 2015. – Т. 2. – № 4 (5). – С. 24-26.

29. Джапаридзе Г.М. Полиморфизм генов молочных белков и гормонов у коров голштинской породы. Дис. ... канд. биол. наук. – П. Лесные Поляны Московской обл., 2013. – 128 с.

30. Долматова И. Ю. Оценка генетического потенциала крупного рогатого скота по маркерным генам / И.Ю. Долматова, Ф.Р. Валитов // Вестник Башкирского университета. – 2015. – Т. 20. – №3. – С. 850-852.

31. Долматова И.Ю. Полиморфизм гена гормона роста крупного рогатого скота в связи с молочной продуктивностью / И.Ю. Долматова, А.Г. Ильясов // Генетика. – 2011. – Т.47. – №6. – С. 1-7.

32. Долматова И.Ю. Молекулярно-генетические маркеры и их использование в селекции сельскохозяйственных животных / И.Ю. Долматова, С.Г. Исламова // Вестник Башкирского университета. – 2004. – № 4. – С. 34-36.

33. Егорашина Е.В. Влияние полиморфизма белков крови на количественные и качественные показатели молока коров айширской породы / Е.В. Егорашина, Р.В. Тамарова // Сборник трудов конференции «Повышение уровня и качества биогенного потенциала в животноводстве. – Ярославль, 2016. – С. 24-30.

34. Елькина М.А. Популяционно-генетическая дифференциация монгольских овец, крупного рогатого скота, яков в условиях хронического действия экологического стресса / М.А. Елькина, Е.Е. Астафьева, Т.В. Карпушкина, Т.Т. Глазко, Ю.А. Столповский, В.И. Глазко // Известия ТСХА. – 2011. – № 2. – С. 134-138.

35. Зиннатов Ф.Ф. Взаимосвязь полиморфизма генов липидного обмена (LEP, TG5) с молочной продуктивностью крупного рогатого скота / Ф.Ф. Зиннатов, А.Р. Шамсова, Ф.Ф. Зиннатова, Т.М. Ахметов, А.Р. Сафиуллина // Ученые записки Казанской государственной академии ветеринарной медицины им. Н.Э. Баумана. – 2017. – Т. 231. – № 3. – С. 72-75.

36. Зиннатова Ф.Ф. Изучение связи гена лептин (LEP) с молочной продуктивностью у коров голштинской породы с применением ПДРФ-анализа / Ф.Ф. Зиннатова, А.Р. Шамсова, Ф.Ф. Зиннатов, А.Р. Сафиуллина, Л.Л. Хамитова // Сборник материалов XII международной научно-практической конференции «Фундаментальная наука и технологии - перспективные разработки». – North Charleston, USA. Изд-во «CreateSpace», 2017. – С. 1-3.

37. Зиновьева Н.А. Биологические проблемы животноводства в XXI веке. Монография. / Н.А. Зиновьева, Л.К. Эрнст. – Москва. Изд-во «Всероссийский научно-исследовательский институт животноводства имени академика Л.К. Эрнста», 2008. – С. 229-230.

38. Зыбайлов Б.Л. Геномная нестабильность и неканонические структуры ДНК / Б.Л. Зыбайлов, В.И. Глазко // Известия ТСХА. – 2012. – № 5. – С. 108-122.

39. Иванова Е.А. К вопросу о методике пробоподготовки ДНК для проведения полимеразной цепной реакции / Е.А. Иванова, А.Г. Лепешков // Сборник статей «

Основные проблемы рыбного хозяйства и охраны рыбохозяйственных водоемов азово-черноморского бассейна». – Ростов-на Дону, 2014. – С. 255-261.

40. Игнатъева Л.П. Оценка индивидуального уровня гомозиготности быков на основе геномной информации / Л.П. Игнатъева, А.А. Белоус, И.С. Недашковский, О.В. Костюнина, А.А. Сермягин, Н.А. Зиновьева // Сибирский вестник сельскохозяйственной науки. – 2019. – Т. 49. – № 6. – С. 79-87.

41. Ильина А.В. Аллельный полиморфизм крупного рогатого скота ярославской породы по генам молочной продуктивности / А.В. Ильина, М.В. Абрамова, С.В. Зырянова // Вестник Бурятской государственной сельскохозяйственной академии им. В.Р. Филиппова. – 2018. – № 4 (53). – С. 55-62.

42. Ижболдина С.Н. Интерьерные показатели голштинизированных коров черно-пестрой породы различных генотипов / С.Н. Ижболдина, Е.Н. Ефремова // Вестник Ижевской государственной сельскохозяйственной академии. – 2005. – № 2. – С 12-13.

43. Исламова С.Г. Внедрение современной технологии племенного дела в практику животноводства ведущих племзаводов и племрепродукторов РБ в условиях реализации национального проекта «Развитие АПК». Рекомендации. / С.Г. Исламова, Ф.А. Исламов, И.Ю. Долматова, А.Ф. Хабиров, Х.Х. Галин, А.Г. Галимов. – Уфа, 2007. – 50 с.

44. Калашникова Л.А. Влияние полиморфизма генов молочных белков и гормонов на молочную продуктивность коров черно-пестрой породы / Л.А. Калашникова, Я.А. Хабибрахманова, А.Ш. Тинаев // Доклады Российской академии сельскохозяйственных наук. – 2009. – № 3. – С. 49-52.

45. Катмаков П.С. Селекционно-генетические факторы повышения продуктивного долголетия коров / П.С. Катмаков, Н.М. Кузьмина // Вестник Ульяновской государственной сельскохозяйственной академии. – 2007. – № 1 (4). – С. 56-59.

46. Кийко Е.И. Полимеразная цепная реакция как метод генной диагностики в молочном скотоводстве / Е.И. Кийко // Вестник Тамбовского университета: естественные и технические науки. – 2011. – Т. 16. – № 2. – С. 658-659.

47. Климов Н.Н. Влияние некоторых генетических факторов на продуктивное долголетие коров / Н.Н. Климов // Сборник трудов конференции «Advances in science and technology». – Москва, 2019. – С. 23-24.

48. Ковалюк Н.В. Полиморфизм аллелей гена LEP как генетический маркер функционального долголетия крупного рогатого скота / Н.В. Ковалюк, Е.А. Гырнец // Universum: Химия и биология. Электрон. научн. журн. – 2016. – № 6 (24). – С.3

49. Ковалюк Н.В. Генетические аспекты проблем в стаде крупного рогатого скота / Н.В. Ковалюк, Е.В. Мачульская, В.Ф. Сацук // Эффективное животноводство. – 2018. – № 1 (140). – С. 40-41.

50. Ковалюк Н.В. Использование полиморфизма локуса лептина в селекции крупного рогатого скота айрширской породы / Н.В. Ковалюк, В.Ф. Сацук, А.Е. Волченко, Е.В. Мачульская, Ю.Ю. Шахназарова // Молочное и мясное скотоводство. – 2014. – № 6. – С. 13-15.

51. Ковалюк Н.В. Полиморфизм аллелей гена lер у субпопуляции крупного рогатого скота айрширской породы / Н.В. Ковалюк, В.Ф. Сацук, А.Е. Волченко, Мачульская Е.В. // Генетика. – 2015. – Т. 51. – № 2. – С. 266.

52. Ковалюк Н.В. Возможные причины и последствия распространения отдельных аллельных вариантов гена LEP в группах айрширского и голштинского скота / Н.В. Ковалюк, В.Ф. Сацук, Е.В. Мачульская, Ю.Ю. Шахназарова // Генетика. – 2018. – Т. 54. – № 12. – С. 1442-1447.

53. Кожухова Н. Э. Полимеразная цепная реакция и особенности ее применения для анализа полиморфизма. Использование ПЦР-анализа в генетико-селекционных исследованиях. Научно-методическое руководство./ Н.Э. Кожухова. Изд-во «К. Аграрная наука», 1998. – С. 21-33.

54. Кожуховская В.В. Основы полимеразной реакции / В.В. Кожуховская // Сборник трудов конференции «Эколого-биологические проблемы использования природных ресурсов в сельском хозяйстве». – Екатеринбург, 2018. – С. 335-342.

55. Колотова А.А. Полимеразная цепная реакция как метод исследования в молекулярно-генетической диагностике / А.А. Колотова, О.Ю. Васильева, П.В. Горошко // Научное обозрение. Педагогические науки. – 2019. – № 5-2. – С. 46-51.

56. Комендант Т.М. Оптимизация методики выявления полиморфизмов гена лептина (LEP), влияющего на продуктивное долголетие крупного рогатого скота / Т.М. Комендант, О.А. Епишко, Е.С. Чебуранова // Сборник научных трудов «Сельское хозяйство – проблемы и перспективы». – Гродно, 2017. – С. 99-105.

57. Коновалов А.В. Полиморфизм ДНК у ярославской породы КРС по гену каппа-казеина / А.В. Коновалов, А.В. Ильина, Т.А. Серова, Е.А. Зверева // Сыроделие и маслоделие. – 2015. – № 5. – С. 33-35.

58. Кононова Л.В. Полиморфизм генетических маркеров CALP1 и GH у быков-производителей мясных пород / Л.В. Кононова, Г.Н. Шарко, Т.Н. Михайленко // Известия Горского государственного аграрного университета. – 2018. – Т. 55. – № 1. – С. 49-57.

59. Корякина К.С. Генетические маркеры молочной продуктивности в селекции крупного рогатого скота / К.С. Корякина, Н.А. Чалова // Сборник трудов конференции «Актуальные научно-технические средства и сельскохозяйственные проблемы». – Кемерово, 2019. – С. 27-32.

60. Костомахин Н.М. Голштинская порода крупного рогатого скота / Н.М. Костомахин // Главный зоотехник. – 2008. – № 7. – С. 13-14.

61. Костомахин Н.М. Анализ генома различных пород крупного рогатого скота / Н.М. Костомахин, А.В. Хованкина // Главный зоотехник. – 2017. – № 10. – С. 3-13.

62. Косырева М.С. Влияние технологии содержания на продуктивное долголетие коров черно-пестрой породы / М.С. Косырева, С.В. Карамеев, Х.З. Валитов, Е.А. Китаев // Известия Самарской государственной сельскохозяйственной академии. – 2006. – № 2. – С. 101-102.

63. Косяченко Н.М. Голштинская порода в создании улучшенных генотипов генотипов и внутривидовых типов крупного рогатого скота. Монография. / Н.М.

Косяченко, М.В. Абрамова, А.В. Ильина, С.В. Зырянова, А.В. Коновалов, Т.Н. Косоурова. – Ярославль. Изд-во «ООО «Канцлер», 2020. – 157 с.

64. Кузнецов А.В. Особенности представления сведений о молочной продуктивности коров в системе СЭЛЕКС и их интерпретация./ А.В. Кузнецов, С.В. Щепкин // Научный журнал КубГАУ. – 2013. – № 90. – С. 2-3. Электронный ресурс. Режим доступа: <http://ej.kubagro.ru/2013/06/pdf/61.pdf>. Дата обращения: 18.11.2014.

65. Кулибаба Р.А. Связь функционального полиморфизма целевых генов (PRL, GH, GHR) с продуктивными признаками яичных кур украинской селекции / Р.А. Кулибаба // Генетика и разведение животных. – 2015. – № 3. – С. 75-80.

66. Лазебная И.В., Лазебный О.Е., Максименко В.Ф., Сулимова Г.Е. Полиморфизм генов гормона роста и пролактина в связи с признаками качества молока у крупного рогатого скота ярославской породы / И.В. Лазебная, О.Е. Лазебный, В.Ф. Максименко, Г.Е. Сулимова // Сельскохозяйственная биология. – 2012. – № 2. – С. 39-44.

67. Лазебная И.В. Полиморфизм генов гормона роста bGH и пролактина bPRL и изучение его связи с процентным содержанием жира в молоке у коров костромской породы / И.В. Лазебная, О.Е. Лазебный, М.Н. Рузина, Г.А. Бадин, Г.Е. Сулимова // Сельскохозяйственная биология. 2011. № 4. с. 46-51.

68. Леонова М. А. Перспективные гены-маркеры продуктивности сельскохозяйственных животных / М.А. Леонова, А.Ю. Колосов, А.В. Радюк, Е.М. Бублик // Молодой ученый. – 2013. – № 12 (59). – С. 612–614.

69. Луполова Т.А. Генетическая структура коров черно-пестрой породы по лактопротеинам / Т.А. Луполова, А.И. Ганджа, Я.П. Кулешевич // Stiinta agricola. – 2020. – № 1. – С. 160-166.

70. Мазаева Н.А. Жировая ткань, лептин и нервная анорексия / Н.А. Мазаева // Психиатрия и психофармакотерапия. – 2008. – Т. 10. – № 2. – С. 18-28.

71. Макарова Н.В. Оценка генов BLTF, BGH и BPRL у коров татарстанского типа на резистентность к маститу / Н.В. Макарова, Р.А. Хаертдинов, А.С. Мака-

ров // Ученые записки Казанской государственной академии ветеринарной медицины им. Н.Э. Баумана. – 2018. – Т. 233. – № 1. – С. 109-112.

72. Максимов Г.В. Основные наследственные заболевания и аномалии у сельскохозяйственных животных. Учебное пособие. / Г.В. Максимов, Н.В. Ленкова, А.Г. Максимов. – Саратов. Изд-во «Ай Пи Эр Медиа», 2018. – 126 с.

73. Мальцева Б.М. Полимеразная цепная реакция – необходимый инструмент для идентификации и типирования возбудителей инфекционных болезней животных / Б.М. Мальцева // Ветеринария. Реферативный журнал. – 2001. – № 3. – С. 847.

74. Марзанов Н.С., Саморуков Ю.В., Ескин Г.В. Сохранение биоразнообразия. Генетические маркеры и селекция (обзор) / Н.С. Марзанов, Ю.В. Саморуков, Г.В. Ескин // Сельскохозяйственная биология. – 2006. – Т. 41. – № 4. – С. 3-19.

75. Меркурьева Е.К. Генетика с основами биометрии. / Е.К. Меркурьева, Г.Н. Шангин-Березовский. – Москва. Изд-во «Колос», 1983. – 400 с.

76. Морковкина Н.А. Полиморфизм генетических маркеров LEP и BOLA DRB3 у быков-производителей, входящих в топ 100 ТР1 / Н.А. Морковкина, Е.В. Мачульская, Н.В. Ковалюк // Сборник статей по материалам X Всероссийской конференции молодых ученых, посвященной 120-летию И.С. Косенко «Научное обеспечение агропромышленного комплекса». – Краснодар, 2017. – С. 245-246.

77. Наметов А.М. Современные ДНК-технологии, используемые в селекции сельскохозяйственных животных / А.М. Наметов, И.С. Бейшова, Г.Д. Чужебаева // 3i: intellect, idea, innovation – интеллект, идея, инновация. – 2018. – № 3. – С. 51-55.

78. Никишина М. В. Исследование полиморфизма генов ариламинов N-ацетилтрансфераз и ассоциации полиморфных вариантов с раком легкого у европеоидов г. Новосибирска. Дис. ... канд. биол. наук. – Новосибирск, 2007. – 205 с.

79. Новиков А.А. Генетическая экспертиза как важнейший фактор повышения эффективности селекции в животноводстве / А.А. Новиков, М.С. Семак, А.И. Хрунова // Зоотехния. – 2016. – № 2. – С. 5-6.

80. Нурбаев С.Д. Определение чистопородности популяций крупного рогатого скота мясного направления продуктивности по микросателлитным ДНК / С.Д. Нурбаев, А.М. Омбаев, Т.Н. Карымсаков, О.В. Даниленко, М.В. Тамаровский, М.Б. Каратаева // Зоотехния. – 2017. – № 8. – С. 10-13.

81. Нургалиева М.Т. Методы выделения нуклеиновых кислот для проведения полимеразной цепной реакции в режиме реального времени / М.Т. Нургалиева, Ж.А. Искакова, А.К. Смагулов // Наука и мир. – 2017. – Т. 1. – № 4 (44). – С. 73-76.

82. 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, А.А. Хожожов, Е.С. Суржикова, Д.М. Рамазанова // Юг России: экология, развитие. – 2020. – Т. 15. – № 2 (55). – С. 165-171.

83. Опенко Т.Г. Роль адипокинов в патогенезе метаболического синдрома / Т.Г. Опенко // Мир науки, культуры, образования. – 2010. – № 6-1 (25). – С. 227-232.

84. Питерова К.С. Метод ПЦР как методологическая основа ДНК-технологий / К.С. Питерова, Ю.С. Кузнецова, С.И. Румянцев // Сборник трудов конференции «Мой профессиональный стартап». – Нижний Новгород, 2018. – С. 96-99.

85. Погодаев В.А. Полиморфизм генов кальпастина и соматотропина у овец калмыцкой курдючной породы и помесей (/ калмыцкая курдючная + / дорпер) / В.А. Погодаев, Л.В. Кононова, Б.К. Адучиев // Вестник Ульяновской государственной сельскохозяйственной академии. – 2019. – № 3 (47). – С. 141-145

86. Погосян Г.П. ПЦР в научных исследованиях студентов специальности «биотехнология» / Г.П. Погосян, В.В. Протас // Национальная ассоциация ученых. – 2015. – № 2-9 (7). – С. 111-114.

87. Позовникова М.В. Генетическая структура коров молочных пород по ДНК-маркерам и влияние их генотипов на молочную продуктивность / М.В. Позовникова, Г.Н. Сердюк, И.А. Погорельский, О.В. Тулинов // Молочное и мясное скотоводство. – 2016. – № 2. – С. 8-12.

88. Рачкова Е.Н. Ассоциация полиморфизма генов TG5 и LEP с динамикой лактации коров-первотелок / Е.Н. Рачкова, Ф.Ф. Зиннатова, Ю.Р. Юльметьева, Т.М. Ахметов, Ш.К. Шакиров // Ветеринарный врач. – 2016. – № 6. – С. 61-66.
89. Решетников О.В. Новые подходы в лабораторной диагностике (ИФА, ПЦР). Справочник для врачей / О.В. Решетников, Н.А. Кривенчук, И.Ю. Зимина, Л.А. Акинфеева. – Новосибирск. Изд-во «Апельсин», 2009. – 126 с.
90. Рожнова Т.М. Полимеразная цепная реакция / Т.М. Рожнова, С.В. Макаров, П.С. Тимашев. – Москва. Изд-во «ЭкООнис», 2020. – 28 с.
91. Рябушкина Н.А. Полимеразная цепная реакция. Оптимизация, модификация и применение / Н.А. Рябушкина // Биотехнология. Теория и практика. – 2007. – № 2. – С. 84-92.
92. Ряскова Е.А. Полимеразная цепная реакция – теория и практика / Е.А. Ряскова, М.Ю. Лебедев, Ю.В. Зимин, Н.А. Новикова // Нижегородские ведомости медицины. – 2008. – № 7. – С. 43-52.
93. Сафина Н.Ю. Молочная продуктивность коров-первотелок голштинской породы с разными генотипами лептина (LEP) в зависимости от периода лактации и сезона года / Н.Ю. Сафина, Ш.К. Шакиров, Ю.Р. Юльметьева // Ветеринария, зоотехния и биотехнология. – 2018. – № 5. – С. 58-64.
94. Сафина Н.Ю. Мониторинг вариабельности аллелей гена лептина (LEP) крупного рогатого скота в зависимости от направления продуктивности / Н.Ю. Сафина // Вестник Казанского ГАУ. – 2017. – № 4 (46). – С. 32-36.
95. Сафина Н.Ю. Характеристика биологической эффективности и полноценности молочной продуктивности голштинских коров-первотелок с разными генотипами лептина (LEP) / Н.Ю. Сафина // Вестник Курской государственной сельскохозяйственной академии. – 2018. – № 4. – С. 131-133.
96. Селионова М.И. Породные особенности аллельного профиля генов, контролирующей молочную продуктивность крупного рогатого скота / М.И. Селионова, Л.Н. Чижова, Е.С. Суржикова, Г.Н. Шарко, Т.Н. Михайленко, А.И. Чудновец // Агрозоотехника. – 2019. – Т. 1. – № 2. – С. 3.

97. Сердюк Г.Н. Проблема продуктивного долголетия при голштинизации отечественных пород крупного рогатого скота и пути ее решения / Г.Н. Сердюк // Молочное и мясное скотоводство. – 2015. – № 6. – С. 7-10.

98. Сивкин Н. В. Опыт разведения шведской красной породы в Центральной России / Н.В. Сивкин // Зоотехнология. – 2011. – №2. – С. 58-60.

99. Сивкин Н.В. Повторяемость молочной продуктивности как критерий оценки состояния стада / Н.В. Сивкин // Материалы Международной конференции «Современные методы селекции и генетики в животноводстве». Санкт-Петербург. – 2007. – С. 113-117.

100. Скопцова Т.И., Смирнова О.В. Использование ДНК-маркеров при работе с мясным скотом / Т.И. Скопцова, О.В. Смирнова // Сборник трудов конференции «Проблемы инновационного развития АПК». – Великие Луки, 2017. – С. 45-49.

101. Скоркина И.А., Ламонов С.А., Гаглов А.Ч. Долголетнее использование и причины выбраковки палево-пестрого скота в разных хозяйственных условиях Тамбовской области / Скоркина И.А., Ламонов С.А., Гаглов А.Ч. // Сборник трудов конференции «Инновационные технологии в АПК». – Мичуринск, 2018. – С. 115-121.

102. Скорых Л.Н. Исследование полиморфизма генов соматотропина и лептина у овец северокавказской мясо-шерстной породы / Л.Н. Скорых, Д.А. Ковалев, Н.С. Сафонова, А.А. Омаров // Ветеринария и кормление. – 2020. – № 1. – С. 37-39.

103. Слабкина А.И. Основы животноводства /А.И. Слабкина. – Москва. Изд-во «Агропромиздат», 1988. – 287 с.

104. Смирнова Ю.М. Экологические аспекты долголетнего использования молочного стада / Ю.М. Смирнова // Тезис доклада на конференции «Экология и общество: баланс интересов». – Вологда, 2020. – С. 211-215.

105. Столповский Ю.А. Популяционно-генетические основы сохранения генофондов domesticiрованных видов животных / Ю.А. Столповский // Вавиловский журнал генетики и селекции. – 2013. – Т. 17. – № 4-2. – С. 900-915.

106. Сурундаева Л.Г. Сравнительный анализ генетической структуры популяций крупного рогатого скота мясных пород по полиморфным вариантам генов соматотропина и тиреоглобулина / Л.Г. Сурундаева // Вестник мясного скотоводства. – 2016. – № 4 (96). – С. 21-29.

107. Сухинин А.А. Метод полимеразной цепной реакции. Методическое пособие для студентов ветеринарного факультета очного и обучения и слушателей ФПК. / А.А. Сухинин, О.Г. Кузьмина, А.Ю. Нечаев. – Санкт-Петербург. Изд-во «СПбГАВМ», 2006. – 18 с.

108. Сухинин А.А. Положительные и отрицательные аспекты диагностического использования мультиплексной полимеразной цепной реакции в реальном времени (real - time PCR) / А.А. Сухинин, С.А. Макавчик, О.В. Прасолова // Международный вестник ветеринарии. – 2016. – № 1. – С. 41-45.

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

110. Тележенко Е.В. Мировые тенденции в селекции голштинского скота / Е.В. Тележенко // Генетика и разведение животных. – 2014. – № 2. – С. 38-39.

111. Ткаченко Е.В. Роль гормонов в поддержании постоянства массы тела и патогенезе ожирения / Е.В. Ткаченко, Г.Г. Варванина // Доктор. ру. – 2013. – № 3 (81). – С. 63-67.

112. Ткаченко И.В. Влияние генетических вариантов каппа-казеина на качество молока / И.В. Ткаченко // Сборник научных трудов ГНУ Уральский НИИСХ «Новые горизонты аграрной науки Урала». – Екатеринбург, 2014. – с. 162-166.

113. Третьякова О. Л. Инновационные технологии в животноводстве / О.Л. Третьякова, А.Ю. Колосов, Г.И. Федин // Вестник аграрной науки Дона. – 2013. – № 2 (22). – С. 87-94.

114. Трухачев В.И. Селекция молочного скота стран Северной Европы: стратегия, методы, результаты (2 часть) / В.И. Трухачев, Н.З. Злыднев, М.И. Селионова // Молочное и мясное скотоводство. – 2016. – № 5. – С. 3-7.

115. Тулинова О. В. Айрширская порода / О.В. Тулинова // Материалы всероссийской научной конференции по продуктивному долголетию коров. – Санкт-Петербург, 2014. – С. 7-8.

116. Тулинова О.В. Селекционный центр по айрширской породе крупного рогатого скота ВНИИГРЖ: достижения и перспективы /О.В. Тулинова // Генетика и разведение животных. – 2016. – № 1. – С. 26-36.

117. Тюлькин С.В. Полиморфизм по генам соматотропина, пролактина, лептина, тиреоглобулина быков-производителей / С.В. Тюлькин, Т.М. Ахметов, Э.Ф. Валиуллина, Р.Р. Вафин // Вавиловский журнал генетики и селекции. – 2012. – Т. 16. – № 4-2. – С. 1008-1012.

118. Филипенкова Г.В. Теоретическое и экспериментальное обоснование методов ДНК-анализа для оценки генетического материала голштинской породы крс / Г.В. Филипенкова, А.С. Делян, В.В. Светличкин // Агрэкономика: экономика и сельское хозяйство. – 2017. – С. 1-8.

119. Хабибрахманова Я.А. Полиморфизм генов молочных белков и гормонов крупного рогатого скота. дис. ... канд. биол. наук. Всероссийский научно-исследовательский институт племенного дела. – п. Лесные Поляны Московской обл., 2009. – 123 с.

120. Харинова Л.В. Полимеразная цепная реакция (ПЦР) /Л.В. Харинова // Сборник материалов конференции «Вопросы образования и науки: теоретический и методический аспекты». – Тамбов, 2014. – С. 147-149.

121. Харченко П.Н. ДНК технологии в развитии агробиологии / П.Н. Харченко, В.И. Глазко. – Москва. Изд-во «Воскресенье», 2006. – 473 с.

122. Хлесткина Е.К. Молекулярные маркеры в генетических исследованиях и в селекции / Е.К. Хлесткина // Вавиловский журнал генетики и селекции. – 2013. – Т. 17. – № 4-2. – С. 1044-1054.

123. Часовщикова М.А. Продолжительность продуктивной жизни и пожизненная молочная продуктивность коров черно-пестрой породы в зависимости от

их генотипа / М.А. Часовщикова // Вестник АПК Ставрополья. – 2018. – № 1 (29). – С. 63-66.

124. Чемерис Д.А. Дизайн праймеров для полимеразной цепной реакции / Д.А. Чемерис, О.Ю. Кирьянова, И.М. Губайдуллин, А.В. Чемерис // Биомика. – 2016. – № 3 (8). – С. 215-238.

125. Чижова Л.Н. Полиморфизм гена лептина у коров молочного направления продуктивности / Л.Н. Чижова, Л.В. Кононова, Г.Н. Шарко, Г.П. Ковалева // Сборник научных трудов Всероссийского научно-исследовательского института овцеводства и козоводства. – Михайловск, 2017. – Т. 2. – № 10. – С. 113-117.

126. Чижова Л.Н. Межпородные особенности полиморфизма генов соматотропин, пролактин у коров молочного направления продуктивности / Л.Н. Чижова, Е.С. Суржикова, Г.П. Ковалёва, Т.Н. Михайленко // Сборник научных трудов Всероссийского научно-исследовательского института овцеводства и козоводства. – г. Михайловск, 2017. – Т. 2. – № 10. – С. 108-113.

127. Шарипов А.А. Влияние полиморфизма гена-гормона соматотропин на убойные и технологические свойства говядины / А.А. Шарипов, Ш.К. Шакиров, Ю.Р. Юльметьева, И.Т. Бикчантаев // Нива Татарстана. – 2015. – № 1. – С. 19-20.

128. Шарифуллина Н.М. Изучение ДНК-полиморфизма гена BOLA-DRB3 в популяции черно-пестрого скота при помощи полимеразной цепной реакции / Н.М. Шарифуллина, И.А. Ахатова // Сборник трудов конференции «Современные проблемы иммуногенеза, теории и практики борьбы с паразитарными и инфекционными болезнями сельскохозяйственных животных». – Уфа, 2004. – С. 321-323.

129. Шаталина О.С. Методы совершенствования потенциала крупного рогатого скота / О.С. Шаталина, Ф.А. Сагитдинов, С.Л. Гридина // Advances in Agricultural and Biological Sciences. – 2016. – Т. 2. № 2. – С. 5-12.

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

131. Шаталина О.С. Влияние геновариантов соматотропина на молочную продуктивность коров / О.С. Шаталина, А.А. Ярышкин // Сборник тезисов докладов 19-ой Всероссийской конференции молодых учёных, посвященной памяти академика РАСХН Георгия Сергеевича Муромцева «Биотехнология в растениеводстве, животноводстве и сельскохозяйственной микробиологии». – Москва, 2019. – С. 151-152.

132. Шестерненкова А.А. Быки-производители разных линий и оценка их воспроизводительной способности / А.А. Шестерненкова, А.С. Мощанец // Тезис доклада на конференции «Горинские чтения. Инновационные решения для АПК». – Орел, 2020. – С. 73.

133. Шуклин Г.О. Роль лептина в организме человека / Г.О. Шуклин, А.А. Шуклина, А.Э. Япаров // Сборник трудов конференции «Современные проблемы науки и образования». – Саратов, 2019. – С. 73-74.

134. Шукюрова Е.Б. Генетические маркеры в селекции крупного рогатого скота Дальнего Востока / Е.Б. Шукюрова, Н.С. Марзанов, Ю.В. Саморуков, Л.И. Хуторов, А.Н. Попов, Е.И. Кийко, Н.Г. Букаров, В.М. Игнатъев // Ветеринарная патология. – 2008. – № 4 (27). – С. 65-67.

135. Усенко В.В. Продолжительность хозяйственного использования и причины выбраковки коров из основного стада учхоза «Кубань» Кубанского ГАУ / В.В. Усенко, Л.И. Баюров // Политематический сетевой электронный научный журнал Кубанского государственного аграрного университета. – 2014. – № 96. – С. 890-900.

136. Эрнст Л.К. Скотоводство. / Л.К. Эрнст, А.П. Бегучев, Д.Л. Левантин. – Москва. Изд-во «Колос», 1977. – 528 с.

137. Юдин Н.С. Применение репродуктивных технологий для повышения эффективности геномной селекции молочного крупного рогатого скота / Н.С. Юдин, К.И. Лукьянов, М.И. Воевода, Н.А. Колчанов // Генетика и селекция животных. – 2015. – №19 (3). – С. 277-285.

138. Юльметьева Ю.Р. Участие генов-кандидатов липидного обмена в формировании продуктивности коров / Ю.Р. Юльметьева, Ш.К. Шакиров // Молочное и мясное скотоводство. – 2017. – № 1. – С. 10-13.

139. Яковлев А.Ф. Использование ДНК-маркеров в селекции голштинского скота / А.Ф. Яковлев // Генетика и разведение животных. – 2014. – № 2. – С. 3-6.

140. 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.

141. Якушева Л.И. Связь полиморфизмов R25C и A80V гена лептина быков-производителей с оценкой их дочерей на предрасположенность к возникновению кетоза / Л.И. Якушева, А.А. Абрамов, Н.В. Ковалюк, В.Ф. Сацук // Сборник научных трудов Краснодарского научного центра по зоотехнии и ветеринарии. Краснодар. – 2019. – Т. 8. – № 3. – С. 24-27.

142. Ялуга В.Л. Полиморфизм генов CSN3, LGB, PRL, GH, LEP у холмогорских коров / В.Л. Ялуга, В.П. Прожерин, Я.А. Хабибрахманова, Л.А. Калашникова, И.Е. Багаль // Молочное и мясное скотоводство. – 2018. – № 4. – С. 5-8.

143. Ярышкин А.А. Ассоциации полиморфных вариантов гена соматотропина с хозяйственно-ценными показателями коров / А.А. Ярышкин, О.С. Шаталина, О.И. Лешонок // Известия Тимирязевской сельскохозяйственной академии. – 2021. – № 2. – С. 60-70.

144. Ярышкин А.А. Влияние полиморфных вариантов гена соматотропина на молочную продуктивность / А.А. Ярышкин // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. – 2019. – № 6 (80). – С. 279-291.

145. Ярышкин А.А. Влияние полиморфизма гена лептина на хозяйственно-полезные признаки крупного рогатого скота / А.А. Ярышкин, О.С. Шаталина, О.И. Лешонок, Н.В. Ковалюк // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. – 2022. – № 1 (93). – С. 260-264.

146. Ярышкин А.А. Ген соматотропина как маркер молочной продуктивности / А.А. Ярышкин, И.В. Ткаченко, О.С. Шаталина // Сборник трудов конференции

«Эколого-биологические проблемы использования природных ресурсов в сельском хозяйстве». – Екатеринбург, 2015. – С. 190-194.

147. Ярышкин А.А. Зависимость продуктивного долголетия коров от полиморфизма гена соматотропина / А.А. Ярышкин // Актуальные вопросы ветеринарной биологии. – 2020. – № 1 (45). – С. 9-11.

148. Ярышкин А.А. Соматотропин и лептин и их связь с хозяйственно-полезными признаками крупного рогатого скота / А.А. Ярышкин // Сборник трудов конференции «Эколого-биологические проблемы использования природных ресурсов в сельском хозяйстве». Екатеринбург, 2018. – С. 317-322.

149. Bionaz M. A Novel Dynamic Impact Approach (DIA) for Functional Analysis of Time-Course Omics Studies: Validation Using the Bovine Mammary Transcriptome / M. Bionaz, K. Periasamy, S.L. Rodriguez-Zas, W.L. Hurley, J.J. Looor // PLoS ONE. – 2012. – №. 7 (3). – P. e32455.

150. Bionaz M. Gene networks driving bovine milk fat synthesis during the lactation cycle / M. Bionaz, J.J. Looor // BMC Genomics. – 2008. – № 9. – P. 366-380.

151. Botstein, D. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms / D. Botstein, R. White, M. Skolnick, R. Davis, // American Journal of Human Genetics. – 1980. – № 32 (3). – P. 314–331.

152. Burrow H. M. Importance of adaptation and genotype \times environment interactions in tropical beef breeding systems / H. M. Burrow // Animal. – 2012. – № 6 (5). – P. 729-740.

153. Giblin L. All association of bovine leptin polymorphisms with energy output and energy storage traits in progeny tested Holstein-Friesian dairy cattle sires / L. Giblin // BMC Genetics. – 2010. – №. 11. – P. 73.

154. Gooki F.G. Association of biometric traits with growth hormone gene diversity in raini cashmere goats. Walailak / F.G. Gooki, M. Mohammadabadi, M.A. Fozi, M. Soflaei // Journal of Science and Technology. – 2019. – Т. 16. – № 7. – P. 499-508.

155. Dekkers J.C.M. Application of Genomics Tools to Animal Breeding / J.C.M. Dekkers // Current Genomics. – 2012. – № 13. – P. 207-212.

156. Dornbush S., Aeddula N.R. Physiology, Leptin. / S. Dornbush, N.R. Aeddula // StatPearls Publishing. 2018-2019. Jan 4. Электронный ресурс. Режим доступа: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/30725723> . Дата обращения 08.02.19.
157. El-halawany N. Characterization of growth hormone gene (GH) in three egyptian goat breeds / N. El-halawany, A. El-werdany, Y.A. El-sayed, A.E.M.A. Shawky, A.F. Al-tohamy, F.M. Abd-el-razek, H. Abdel-shafy // *Meta Gene*. – 2019. – Т. 20. – P 100556.
158. Elsyk C.G. The Genome Sequence of Taurine Cattle: A Window to Ruminant Biology and Evolution / C.G. Elsyk, R.L. Tellam, K.C. Worley. // *Science*. – 2009. – № 324. – P. 522-528.
159. Flori L. The Genome Response to Artificial Selection: A Case Study in Dairy Cattle / L. Flori, S. Fritz, F. Jaffrezic, M. Boussaha // *PLoS ONE*. – 2009. – Vol. 4. – № 8. – p. 6595.
160. Kalendar R. Java web tools for PCR, in silico PCR, and oligonucleotide assembly and analysis / R. Kalendar, D. Lee, A. H. Schulman // *Genomics*. – 2011. – 98 (2). – P.137-144.
161. Lemay D.G. Lessons from the Bovine Genome: Implications for Human Nutrition and Research / D.G. Lemay, M. Rijnkels, J.B. German // *J Nutrition*. – 2009. – №.139 (7). – P. 1271-1272.
162. Lusk J.L. Association of single nucleotide polymorphisms in the leptin gene with body weight and backfat growth curve parameters for beef cattle / J.L. Lusk // *J. Anim. Sci.* – 2007. – V. 85. – P. 1865-1872.
163. Pedersen L.D. Genomic selection strategies in dairy cattle breeding programmes: Sexed semen cannot replace multiple ovulation and embryo transfer as superior reproductive technology / L.D. Pedersen, M. Kargo, P. Berg, J. Voergaard // *J. Of animal breeding and genetics*. – 2012. – Vol.129. – P. 152-163.
164. Saiki R.K. Primer-Directed Enzymatic Amplification of DNA with a Thermostable DNA Polymerase / R.K. Saiki, D.H. Gelfand, S. Stoffel, S.J. Scharf, R. Higuchi, G.T. Horn, K.B. Mullis, H.A. Erlich // *Science*. – 1988. – P. 487-491.

165. Seroussi E. Analysis of copy loss and gain variations in Holstein cattle autosomes using BeadChip SNPs / E. Seroussi, G. Glick, A. Shirak, E. Yakobson, J.I. Weller, E. Ezra, Y. Zeron // *BMC Genomics*. – 2010. – № 11. – P. 673-693.
166. Sharifzadeh A. Investigation of leptin gene polymorphism in Iranian native cattle / A. Sharifzadeh, A. Doosti // *Bulgar. J. Vet. Med.* – 2012. – V. 15. – No. 2. – P. 86-92.
167. Shatalina O.S. Genetic structure of the population of holstein black-and-white cattle by microsatellite loci / O.S. Shatalina, I.V. Tkachenko, A.A. Yaryshkin // *Russian Journal of Genetics*. – 2021. – T. 57. – № 2. – C. 196-203.
168. Tellam R.L. The Genome Sequence of Taurine Cattle: A Window to Ruminant Biology and Evolution / R.L. Tellam, K.C. Worley // *Science*. – 2009. – № 324. – P. 522- 528.
169. Watson J.D. A Structure for Deoxyribose Nucleic Acid. / J.D. Watson, F.H.C. Crick. – *Nature* 171, 1953. – P. 737-738.
170. Weller J. Invited review: quantitative trait nucleotide determination in the era of genomic selection / J. Weller, M. Ron // *J. Dairy Sci.* – 2011. – № 94 (3). – P. 1082-1090.
171. Zhan B. Global assessment of genomic variation in cattle by genome resequencing and high-throughput genotyping / B. Zhan, J. Fadista, B. Thomsen, J. Hedegaard, F. Panitz, C. Bendixen // *BMC Genomics*. – 2011. – № 12. – P. 557.
172. Yaryshkin A.A. Correlation between the age of heifers' first successful insemination and LV-poliformism of somatotropin gene / A.A. Yaryshkin, I.V. Tkachenko, O.I. Leshonok // *Reproduction in Domestic Animals*. – 2019. – T. 54. – № S 3. – C. 101.

АКТ
внедрения результатов законченных научных исследований

Мы, нижеподписавшиеся, руководитель Уральского НИИСХ – филиала ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН М.Ю. Севостьянов и представитель АО «Агрофирма «Патруши» в лице директора А.Ю. Соколова, составили настоящий акт о том, что в целях внедрения достижений науки и передового опыта в сельскохозяйственное производство проведено определение комплексных генотипов по генам соматотропина и лептина у крупного рогатого скота АО «Агрофирма «Патруши» в количестве 60 голов.

«11» апреля 2022 г.

Уральский НИИСХ-
филиал ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН



АО «Агрофирма «Патруши»:



АКТ
внедрения результатов законченных научных исследований

Мы, нижеподписавшиеся, руководитель Уральского НИИСХ – филиала ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН М.Ю. Севостьянов и представитель АО «Каменское» в лице генерального директора Л.Д. Двинуиной, составили настоящий акт о том, что в целях внедрения достижений науки и передового опыта в сельскохозяйственное производство проведено определение комплексных генотипов по генам соматотропина и лептина у крупного рогатого скота АО «Каменское» в количестве 60 голов.

«22» апреля 2022 г.

Уральский НИИСХ-
филиал ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН



М.Ю. Севостьянов

АО «Каменское»

Л. Д. Двинаина

