

Ирина Петровна Иванова^{1✉}, Елена Николаевна Юрченко², Юлия Андреевна Оконешникова³

^{1,2,3}Омский государственный аграрный университет им. П.А. Столыпина, Омск, Россия

¹ip.ivanova@omgau.org

²en.yurchenko@omgau.org

³yua.okonashnikova@omgau.org

СТРУКТУРА ПОПУЛЯЦИИ МОЛОЧНЫХ КОРОВ В ОМСКОЙ ОБЛАСТИ ПО ГЕНАМ CSN₂, CSN₃ И НЕКОТОРЫМ ГЕНЕТИЧЕСКИМ АНОМАЛИЯМ

Цель исследования – изучить генетический полиморфизм генов каппа-казеина, бета-казеина и основных генетических аномалий в стаде коров черно-пестрой породы, разводимой в Омской области. Объект исследования – коровы черно-пестрой породы и их отцы; материал исследования – генотипы 50 коров, кандидатов в ведущую группу стада племенного репродуктора. Из группы быков, отцов коров, 54,3 % носители A₂ CSN₂. Аллель B гена CSN₃ в структуре группы отцов коров встречается у 60 % быков. Генетическая структура коров ведущей группы по гену CSN₂ представлена аллелями A₁, A₂, A₃, B, I, F. Наибольшую частоту в популяции имеет аллель A₁ (45 %), наименьшую – аллель F (0,71 %). На долю гетерозигот CSN₂^{A₁A₂} приходится 37,14 %. Частота встречаемости носителей ассоциированного аллеля A₂ с продуктивностью в исследуемой группе составила 47,14 %. В структуре генофонда коров наибольший удельный вес имеет аллель A гена CSN₃, частота встречаемости – 62,14 %. Доля B-аллеля составила 31,43 %. Аллельных вариантов C, G, H, I, J гена CSN₃ не выявлено. Коровы с генотипом CSN₂^{A₂A₂} превосходят по массовой доле молочного белка на 0,38 % ($P < 0,01$) особей с альтернативными вариантами гена CSN₂. Коровы с желательными генотипами по генам каппа- и бета-казеина превосходят на 49,77 кг, или на 24 %, и на 43,30 кг, или 21,12 % ($P < 0,01$) сверстниц с отсутствием в генотипе желательных аллелей изучаемых генов соответственно. Наибольшее распространение в группе имеет рецессивный аллель аномалии брахиспина – 2,14 %. На долю рецессивного аллеля седьмого голштинского гаплотипа и дефицита адгезии лейкоцитов приходится по 1,43 % в генетической структуре ведущей группы. Генетическое разнообразие исследуемой части стада по генам CSN₂ и CSN₃ позволяет использовать оптимальные генотипы в системе разведения и совершенствовать поголовье по технологическим характеристикам молока. Для исключения распространения генетического груза в популяции важно контролировать закрепление родительских пар с учетом носительства генетических аномалий.

Ключевые слова: полиморфизм, CSN₂, CSN₃, генетическое разнообразие, генотип, черно-пестрая порода

Для цитирования: Иванова И.П., Юрченко Е.Н., Оконешникова Ю.А. Структура популяции молочных коров в Омской области по генам CSN₂, CSN₃ и некоторым генетическим аномалиям // Вестник КрасГАУ. 2025. № 5. С. 185–198. DOI: 10.36718/1819-4036-2025-5-185-198.

Благодарности: работа выполнена в рамках государственного задания Министерства сельского хозяйства Российской Федерации № 124053100054-5, тема: «Мониторинг генетического полиморфизма по генам-маркерам молочной продуктивности в популяции молочного скота с целью выявления полифункциональных биологических активностей в виде их продуктивных качеств и генетической коррекции».

Irina Petrovna Ivanova^{1✉}, Elena Nikolaevna Yurchenko², Yulia Andreevna Okonashnikova³

^{1,2,3}Omsk State Agrarian University named after P.A. Stolypin, Omsk, Russia

¹ip.ivanova@omgau.org

²en.yurchenko@omgau.org

³yua.okonashnikova@omgau.org

POPULATION STRUCTURE OF DAIRY COWS IN OMSK REGION BY CSN₂, CSN₃ GENES AND SOME GENETIC ANOMALIES

The aim of the study is to investigate genetic polymorphism of the kappa-casein, beta-casein genes and the main genetic anomalies in a herd of Black-and-White cows bred in the Omsk Region. The object of the study was Black-and-White cows and their fathers; the material of the study was the genotypes of 50 cows, candidates for the leading group of the herd of a breeding reproducer. Of the group of bulls, fathers of cows, 54.3 % were carriers of A₂ CSN₂. The B allele of the CSN₃ gene in the structure of the group of cows' fathers was found in 60% of bulls. The genetic structure of cows of the leading group for the CSN₂ gene is represented by the A₁, A₂, A₃, B, I, F alleles. The A₁ allele has the highest frequency in the population (45 %), the F allele has the lowest frequency (0.71 %). The share of CSN₂^{A₁A₂} heterozygotes accounts for 37.14 %. The frequency of occurrence of carriers of the associated allele A₂ with productivity in the study group was 47.14 %. In the structure of the cow gene pool, the highest specific weight has the allele A of the CSN₃ gene, the frequency of occurrence is 62.14 %. The proportion of the B allele was 31.43 %. Allelic variants C, G, H, I, J of the CSN₃ gene were not detected. Cows with the CSN₂^{A₂A₂} genotype exceed individuals with alternative variants of the CSN₂ gene in terms of the mass fraction of milk protein by 0.38 % ($P < 0.01$). Cows with desirable genotypes for the kappa- and beta-casein genes are 49.77 kg or 24 % heavier and 43.30 kg or 21.12 % ($P < 0.01$) heavier than their peers with the absence of desirable alleles of the studied genes in the genotype, respectively. The recessive allele of the brachyspin anomaly is most widespread in the group – 2.14 %. The recessive allele of the seventh Holstein haplotype and leukocyte adhesion deficiency account for 1.43 % each in the genetic structure of the leading group. The genetic diversity of the studied part of the herd for the CSN₂ and CSN₃ genes allows using optimal genotypes in the breeding system and improving the herd in terms of technological characteristics of milk. To exclude the spread of the genetic load in the population, it is important to control the fixation of parental pairs taking into account the carriage of genetic anomalies.

Keywords: polymorphism, CSN₂, CSN₃, genetic diversity, genotype, black-and-white breed

For citation: Ivanova IP, Yurchenko EN, Okonashnikova YuA. Population structure of dairy cows in Omsk Region by CSN₂, CSN₃ genes and some genetic anomalies. *Bulletin of KSAU*. 2025;(5):185-198. (In Russ.). DOI: 10.36718/1819-4036-2025-5-185-198.

Acknowledgments: the work was carried out within the framework of the state assignment of the Ministry of Agriculture of the Russian Federation № 124053100054-5, topic: "Monitoring of genetic polymorphism in genes-markers of milk productivity in the population of dairy cattle in order to identify polyfunctional biological activities in the form of their productive qualities and genetic correction".

Введение. Молочное скотоводство играет ключевую роль в аграрном секторе многих стран, обеспечивая не только продовольственную безопасность, но и значительный вклад в экономику сельских территорий. С увеличением спроса на молочные продукты данная отрасль сталкивается как с новыми вызовами, так и возможностями для устойчивого развития. Современное молочное скотоводство в России переживает период трансформации, связанный с

внедрением инновационных технологий, как в технологические аспекты, так и в селекционную работу.

Изучение полиморфизма генов, ассоциированных с продуктивными качествами и хозяйственно полезными признаками, позволяет определить генетическое разнообразие популяции и использовать полученные данные при организации селекционной работы с животными [1–5]. Генетическое разнообразие отечественных по-

род крупного рогатого скота может рассматриваться как дополнительный ресурс для селекции и скрещивания при совершенствовании существующих и создании новых пород и внутрипородных типов.

Современная маркерная селекция выделяет несколько аллелей генов и гормонов, по наличию которых можно спрогнозировать продуктивные качества каждой оцениваемой особи, но практическое использование ДНК-маркеров в селекционной работе затруднено физиологическими особенностями формирования молочной продуктивности [6–9]. Молочная продуктивность крупного рогатого скота формируется путем сложного взаимодействия генотипа и внешней среды [10–12]. Полигенный тип наследования количественных признаков, к которым относится и молочная продуктивность, затрудняет селекцию крупного рогатого скота, так как увеличивается число параметров отбора [13–15].

Актуальность обуславливается тем, что изучение генетического полиморфизма в популяции крупного рогатого скота позволяет совершенствовать продуктивные и хозяйственные качества особей при разведении [16]. В настоящее время в Российской Федерации особенно остро стоит задача по совершенствованию и внедрению методов ускоренной селекции с целью получения популяции местного скота с высоким генетическим потенциалом продуктивности. Для осуществления прорыва в племенном животноводстве страны важно достигнуть высоких селекционных темпов, что должно основываться на высокоточных методах оценки [11, 17]. Оптимизация молочного скотоводства, обусловленная увеличением доли эффективных коров в активной части популяции, требует пересмотра имеющихся программ селекции, в том числе подхода к отбору коров с учетом технологических характеристик молока. Белки молока в основном представлены казеином – до 85 % в общей структуре молочных белков. Казеин коровьего молока различных фракций отличается химическим составом и свойствами. Особо значимыми фракциями казеина для улучшенных характеристик молочного белка являются каппа-казеин (CSN₃) и бета-казеин (CSN₂).

Широкий обмен генетическим материалом между регионами способен изменять генетическую структуру популяций молочного скота.

В научных исследованиях Х.А. Амерханова, И.Е. Багаль, Я.А. Хабибрахмановой, Л.А. Калашниковой, М.И. Селионовой и других установлено, что гены каппа-казеина, бета-казеина и бета-лактоглобулина кодируют основные белки молока и могут применяться в качестве маркеров в селекции молочного скота на повышение белкомолочности стад и улучшение структуры молочных белков, а следовательно, технологических качеств молока [1, 6, 14]. Различные аллели генов CSN₂ и CSN₃ по-разному кодируют структуру молочного белка и влияют на количество и соотношение белков в молоке крупного рогатого скота. Отечественные и зарубежные исследователи рекомендуют использовать в маркероориентированной селекции аллель В гена каппа-казеина и аллель А₂ гена бета-казеина [11, 17–19].

В разных популяциях молочного скота наблюдается различная генетическая структура генов. Так, в популяции голштинизированного черно-пестрого скота в Республике Алтай, по данным А.И. Афанасьевой, В.А. Сарычева и В.А. Плешакова (2021), частота аллеля А гена CSN₃ варьировала в диапазоне 0,58–0,62, а генотип каппа-казеина ВВ у голштинских быков не выявлен в племенных предприятиях региона.

Аналогичные данные описывают зарубежные исследователи. В популяциях молочного скота ими установлен сдвиг в сторону аллеля А гена CSN₃. В отечественной популяции молочного скота, вне зависимости от принадлежности к породе, многими отмечается снижение частоты встречаемости генотипов CSN₃^{BB}.

В связи с этим, определение генетической структуры популяции будет способствовать сохранению генофонда и переходу к эффективным методам селекции, что является важным и значимым для успешного развития отечественного молочного скотоводства в условиях Омской области и страны в целом.

Цель исследования – изучить генетический полиморфизм генов каппа-казеина, бета-казеина и основных генетических аномалий в стаде коров черно-пестрой породы, разводимой в Омской области.

Задачи: определение генетической структуры стада коров черно-пестрой породы и продуктивных качеств по ДНК-маркерам и генетическим аномалиям.

Объекты и методы. Объект исследования – коровы черно-пестрой породы, материал исследования – генотипы крупного рогатого скота черно-пестрой породы, содержащегося в племенном репродукторе ООО «Рассвет» Таврического района Омской области. Из основного

стада коров предприятия была отобрана фокус-группа коров в количестве 50 голов, которые потенциально, по результатам фенотипической оценки, являются кандидатами в ведущую группу стада. Схема исследования представлена на рисунке 1.



Рис. 1. Схема исследований (здесь и далее: составлено авторами)
Research scheme (here and further: compiled by the authors)

Генотипирование проводилось в лаборатории геномных технологий ООО «Ксивелью» (Москва) по ДНК-маркерам бета-, каппа-казеина и основным аномалиям крупного рогатого скота (AX; BY; HY_ERCC6L; HY_TSR2; HH1; HH3; HH4; HH5; HH6; HH7; FXID; BLAD; DUMPS; BDCMP; CVM; MPS_IIB; HCD; CT). В качестве биоматериала для генотипирования использовался волосая выщип. Пробоподготовка проводилась согласно методике, предоставленной лабораторией.

Анализ частоты встречаемости генов бета- и каппа-казеина, носительства генетических аномалий быков-производителей (отцов коров, $n = 35$ гол.) проведен на основе данных, представленных в племенных свидетельствах и каталогах организаций, реализующих их семя.

Структуру популяции по генам анализировали по значениям частот встречаемости аллелей

генов CSN₂ и CSN₃ и генотипов, определяемых по формулам

$$P_A = (2nAA + nAa)/2N; q_b = (2naa + nAa)/2N, \quad (1)$$

где P_A – частота A аллеля; q_b – частота a аллеля; N – общее количество аллелей.

Ожидаемую частоту генотипов определяли согласно закону популяционного равновесия Харди-Вайнберга.

Статистическую обработку цифровых данных проводили многофакторным дисперсионным анализом в программе MS Excel по следующим параметрам: среднее арифметическое и стандартная ошибка, медиана, критерий Пирсона, уровень полиморфизма по Робертсону.

Результаты и их обсуждение. Популяция молочного скота в Омской области в настоящее время представлена тремя основными порода-

ми – красной степной, черно-пестрой, голштинской. Отечественные породы красная степная и черно-пестрая, разводились на территории региона длительное время, так как были плановыми для Омской области. В связи с этим и в настоящее время породная структура популяции молочного скота состоит из 45 % коров красной степной породы и 48 % – черно-пестрой, 5 % – голштинской породы. Большая многочисленность черно-пестрой породы в Омской области стала ключевым фактором при определении объекта исследования.

Для практики животноводства важным направлением совершенствования молочного скота

является улучшение технологических свойств молока на генетическом уровне. Гены бета- и каппа-казеина влияют на качество молочного белка [20]. Важным аспектом является изучение полиморфизма ДНК-маркеров в популяции быков-производителей. Систематическая оценка генотипа закрепляемых быков способствует улучшению продуктивных качеств по селекционируемым признакам и сохранению здоровья в каждой последующей генерации молочного скота.

В таблице 1 представлен генетический профиль популяции быков-производителей, от которых были получены коровы исследуемой группы.

Таблица 1

Генетический профиль и структура популяции отцов коров (n = 35 гол.)
Genetic profile and population structure of fathers for cows (n = 35 heads)

Ген	Генетический профиль	Структура, %
CSN ₂	A ₁	45,7
	A ₂	54,3
CSN ₃	A	40,0
	B	60,0
BY	A	100
HH1	A	100
HH3	A	100
HH4	A	100
FXID	A	100
BLAD	A	100
CVM	A	100

Здесь и далее: составлено авторами.

Генетический профиль отцов коров показывает небольшое разнообразие аллелей генов бета- и каппа-казеина, встречающиеся в их ДНК. Так, в группе отцов коров по гену бета-казеина встречаются только аллели A₁ и A₂. Наследственность быков-производителей характеризуется наличием в генотипах аллеля A₂, ассоциированного как желательного, по гену CSN₂. Большая часть отцов коров (54,3 %) являются носителями желательного аллеля A₂. Относительно невысокий удельный вес в структуре популяции аллеля A₂ гена CSN₂ свидетельствует об отсутствии целенаправленного подбора быков по данному ДНК-маркеру.

Аллель B гена CSN₃ в структуре группы отцов коров встречается у 60 % быков, что также недостаточно для целенаправленной селекции

в стаде по совершенствованию технологических характеристик молока.

По генетическим аномалиям, наиболее часто встречающимся в голштинской породе, все быки здоровы и не являются носителями генетических аномалий. В основном в каталогах указывается генотип быков по таким генетическим заболеваниям, как брахиспина, голштинские гаплотипы, дефицит XI фактора свертываемости крови, дефицит адгезии лейкоцитов и комплексный порок позвоночника.

Подбор быков к маточному поголовью племенных репродукторов проводится с учетом линейной принадлежности быков. В связи с этим изучен полиморфизм генов бета- и каппа-казеина отцов коров с учетом их линейной принадлежности (табл. 2).

**Полиморфизм генов CSN₂ и CSN₃ в группе отцов коров
с учетом их линейной принадлежности
*Polymorphism of CSN₂ and CSN₃ genes in the group of fathers for cows,
taking into account their linear affiliation***

Линия отцов	n	Частота генотипов			Частота аллелей	
CSN ₂						
		A ₁ A ₁	A ₁ A ₂	A ₂ A ₂	A ₁	A ₂
Рефлекшен Соверинг 198998	13	0,461±0,005	0,307±0,003	0,230±0,002	0,615±0,003	0,385±0,002
Силинг Трайджун Рокит 252803	9	0,333±0,004	0,333±0,004	0,333±0,004	0,5±0,018	0,5±0,018
Монтвик Чифтейн 95679	7	0,286±0,014	0,428±0,010	0,286±0,015	0,5±0,009	0,5±0,009
Вис Бэк Айдиал 1013415	6	–	0,333±0,07	0,666±0,009	0,166±0,012	0,833±0,004
CSN ₃						
		AA	AB	BB	A	B
Рефлекшен Соверинг 198998	13	0,461±0,005	0,307±0,003	0,230±0,002	0,615±0,003	0,385±0,002
Силинг Трайджун Рокит 252803	9	0,222±0,009	0,333±0,005	0,444±0,008	0,388±0,006	0,611±0,010
Монтвик Чифтейн 95679	7	–	0,286±0,007	0,714±0,010	0,143±0,011	0,857±0,009
Вис Бэк Айдиал 1013415	6	–	0,333±0,012	0,666±0,009	0,166±0,012	0,833±0,004

Исследование генетического разнообразия быков-отцов коров в зависимости от их линейной принадлежности показало, что ассоциированный аллель A₂ гена CSN₂ с улучшенными характеристиками молочного белка встречается в генотипах всех закрепляемых линий. Максимальная частота генотипов быков с аллелем A₂ отмечена в линии Вис Бэк Айдиал 1013415 и составила 0,833, что на 0,448, или 53,78 %, чаще, чем в линии Рефлекшен Соверинг 198998. Линии Силинг Трайджун Рокит 252803 и Монтвик Чифтейн 95679 находятся в генетическом равновесии, так как частота аллелей A₁ и A₂ гена CSN₂ одинакова (0,5). В структуре генотипов в группе отцов коров преобладает генотип CSN₂^{A₂A₂}. Наибольшая частота гомозигот с желательным аллелем A₂ в линии Вис Бэк Айдиал 1013415 – 0,666, что на 0,436 чаще, чем аналогичные генотипы в линии Рефлекшен Соверинг 198998. Частота гетерозигот в группе отцов коров линии Монтвик Чифтейн 95679 максимальна в сравнении с другими линиями и составила 0,428. В линии Вис Бэк Айдиал 1013415 гомозиготные генотипы CSN₂^{A₁A₁} не выявлены.

Полиморфизм гена каппа-казеина в группе быков-отцов коров менее сбалансирован. Уста-

новлено, что в линиях Монтвик Чифтейн 95679 и Вис Бэк Айдиал 1013415 максимальная концентрация желательного аллеля В гена CSN₃ – 0,833–0,857. В линии Рефлекшен Соверинг 198998 наиболее распространен аллель А гена CSN₃, частота встречаемости составила 0,615.

Анализ структуры генотипов по гену CSN₃ показал, что среди отцов коров линий Монтвик Чифтейн 95679 и Вис Бэк Айдиал 1013415 отсутствуют особи с генотипом CSN₃^{AA}, кроме того, в линии Монтвик Чифтейн 95679 частота гетерозигот минимальна – 0,286. Соответственно, в данной линии преобладают наиболее ценные для селекции генотипы CSN₃^{BB}. Наименьшая частота встречаемости отцов коров с гомозиготным по желательному аллелю В геном каппа-казеина среди представителей линии Рефлекшен Соверинг 198998 – 0,23.

Полученные результаты анализа распределения частот аллелей и генотипов в группе быков-отцов коров в зависимости от их линейной принадлежности доказывают, что ДНК-маркеры не принимаются во внимание селекционером при выборе быков в условиях ООО «Рассвет» Таврического района Омской области.

Для более полного представления о полиморфизме генов, связанных с технологическими свойствами молочного белка и генетическим здоровьем популяции молочного скота, важен анализ генетической структуры коров.

Ген бета-казеина имеет 12 аллельных вариантов в генофонде крупного рогатого скота, но в стаде разнообразие представлено не всеми аллелями (рис. 2).

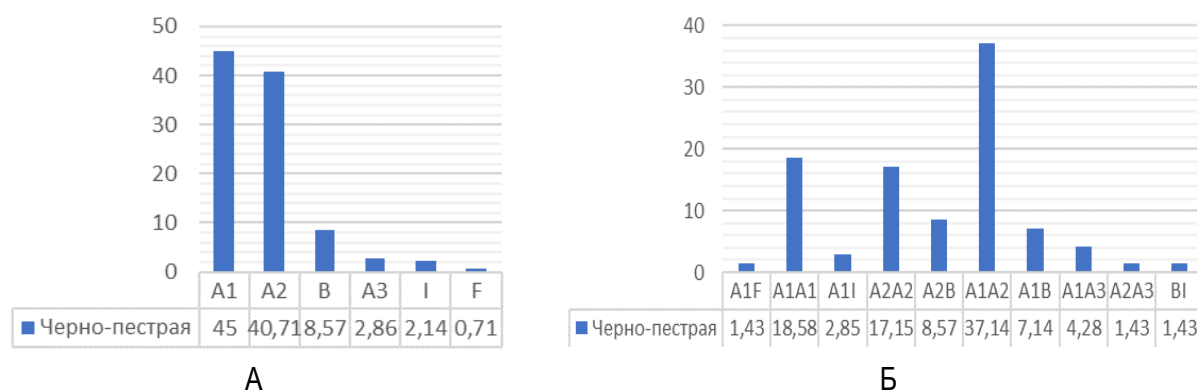


Рис. 2. Частота аллелей (А) и полиморфизм (Б) гена CSN_2 бета-казеина
Allele frequency (A) and polymorphism (B) of the CSN_2 beta-casein gene

Генофонд исследуемого поголовья по гену CSN_2 характеризуется пятью аллельными вариантами. Наибольший удельный вес в популяции имеет аллель A_1 – 45 %. Аллель A_2 также встречается достаточно часто – 40,71 % среди черно-пестрого скота. Наименьшую частоту встречаемости в популяции черно-пестрого скота имеет аллель F – 0,71 %.

Для получения молока с улучшенными технологическими качествами молочного белка наиболее предпочтительным является генотип по бета-казеину $CSN_2^{A_2A_2}$.

В группе коров черно-пестрой породы выявлено 10 встречающихся генотипов. Наибольший удельный вес в популяции приходится на гетерозиготу $CSN_2^{A_1A_2}$ – 37,14 %. Частота встречаемости носителей ассоциированного аллеля с продуктивностью в популяции черно-пестрого скота составляет 47,14 %. Носители аллеля A_2 имеют генотипы $CSN_2^{A_1A_2}$, $CSN_2^{A_2B}$ и $CSN_2^{A_2A_3}$.

Таким образом, генетическое разнообразие исследуемой популяции по гену бета-казеина (CSN_2) позволяет использовать оптимальные генотипы в системе разведения и совершенствовать поголовье по технологическим характеристикам молока. Среди коров 64,29 % способны передать потомству желательный аллель A_2 гена CSN_2 .

Среди ДНК-маркеров молочной продуктивности ген каппа-казеина CSN_3 является наиболее значимым, так как его аллель B ассоциирован с лучшей сыропригодностью коровьего молока [3, 11]. Выделяют 13 полиморфных состояний гена CSN_3 . В изучаемой группе коров определено 3 аллельных варианта гена каппа-казеина (A , B , E) [6, 10]. На рисунке 3 представлена частота встречаемости аллелей гена CSN_3 .

В структуре генофонда коров наибольший удельный вес имеет аллель A гена CSN_3 , частота встречаемости – 62,14 %. По данным отечественных и зарубежных исследователей, B -аллель гена CSN_3 ассоциирован с высоким выходом творога и сыра, а также с лучшими коагуляционными свойствами молока, поэтому является наиболее предпочтительным [1, 11, 16, 17]. Доля B аллеля в популяции черно-пестрой породы – 31,43 %. Аллельных вариантов C , G , H , I , J в генотипах исследуемой группы коров не выявлено. Так как данная группа составляет племенное ядро стада, соответственно аллельные варианты C , G , H , I , J гена CSN_3 не будут распространяться среди потомства.

Структура генотипов в популяции по гену каппа-казеина отличается разнообразием. Наибольший удельный вес в структуре стада занимают гетерозиготы с генотипом CSN_3^{AB} – 52,86 %.

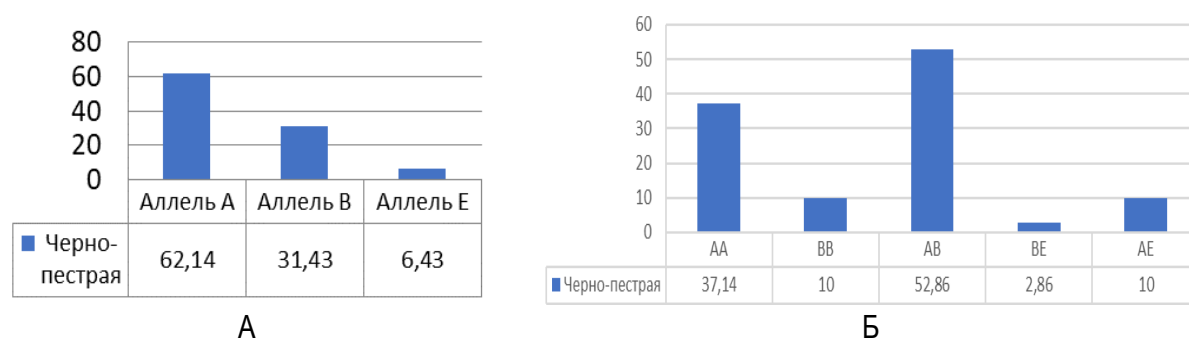


Рис. 3. Частота встречаемости аллелей (А) и полиморфизм (Б) гена каппа-казеина CSN_3
Allele frequency (A) and polymorphism (B) of the kappa casein gene CSN_3

На долю гомозигот, которых можно определить как наиболее желательные особи для дальнейшего разведения, приходится 10 % отобранного поголовья черно-пестрой породы.

Потенциально передать потомству желательный аллель В гена CSN_3 могут носители этого аллеля – 65,7 % коров, ассоциированного с улучшенными характеристиками молочного белка.

Для использования маркерной селекции в молочном скотоводстве важно иметь представление не только о генетической структуре популяции, но и о фенотипическом уровне хозяйственно полезных качеств. В таблице 3 представлены хозяйственно полезные качества коров в зависимости от генотипа по ДНК-маркерам технологических свойств молока.

Таблица 3

**Хозяйственно полезные качества коров черно-пестрой породы
 в зависимости от генотипа по ДНК-маркерам технологических свойств молока**
*Economically useful qualities of black-and-white cows depending
 on the genotype according to DNA markers of technological properties of milk*

Показатель	CSN_2		CSN_3	
	A_2A_2	Прочие генотипы	ВВ	Прочие генотипы
Удой, кг	7216±366	6706±452	7341±325	6683±372
МДЖ, %	3,90±0,010	3,65±0,012	4,20±0,011	3,65±0,016
МДБ, %	3,45±0,09	3,07±0,08	3,50±0,08	3,10±0,06
Молочный жир, кг	281,42±29,7	244,84±33,4	308,32±46,1	244,00±52,7
Молочный белок, кг	248,95±16,9	205,65±14,2	256,94±13,4	207,17±17,1
Возраст 1 осеменения, мес	20±1,59	22±2,18	20±1,48	22±1,36
Сервис-период, дней	101±32,6	167±24,2	228±38,0	149±20,6
Сухостойный период, дней	51±3,77	58±4,16	65±2,97	56±3,49
Кол-во осеменений на одно плодотворное	1,7±0,03	1,8±0,05	1,7±0,07	1,8±0,06

Коровы с желательными аллелями по генам каппа- и бета-казеина отличались лучшими показателями по основным селекционным признакам. Разница между анализируемыми группами по обильномолочности статистически не достоверна. Установлена высокая достоверная разница между сравниваемыми группами по массовой доле молочного белка. Коровы с желательным

генотипом $CSN_2^{A_2A_2}$ превосходят по массовой доле молочного белка на 0,38 процентных пункта ($P < 0,01$) особей с альтернативными вариантами гена CSN_2 . Уровень массовой доли молочного белка в синтезируемом молоке обусловлен генотипом по гену каппа-казеина (CSN_3). Коровы, имеющие в своем генотипе желательную комбинацию аллелей, пре-

восходят по массовой доле молочного белка на 0,4 процентных пункта ($P < 0,01$) коров с прочими аллелями гена CSN₃. Количество молочного белка может считаться простейшим селекционным индексом, так как объединяет в себе два важных и основных показателя – удой и массовую долю молочного белка. При анализе изменения количества молочного белка установлено, что коровы с желательными генотипами по генам каппа- и бета-казеина превосходят на 49,77 кг, или на 24 %, и на 43,30 кг, или 21,12 % ($P < 0,01$), сверстниц с отсутствием в генотипе

желательных аллелей изучаемых генов соответственно.

Взаимосвязи между генотипами по генам каппа- и бета-казеина и показателями воспроизводительных качеств коров не выявлено, так как в большей степени репродуктивные качества зависят от паратипических факторов.

Качество молочного белка также определяется гаплогруппой гена каппа-казеина. В таблице 4 представлен полиморфизм в исследуемой группе коров по гаплотипу A₁/A₂ гена CSN₂.

Таблица 4

Перечень частоты генотипов и аллелей гаплотипа гена CSN₂
List of the frequency of genotypes and alleles of the CSN₂ gene haplotype

Генотип	n	Частота генотипов	Аллель	Частота аллелей	H _e	Fis
A ₁ /A ₁	15	0,30±0,004	A ₁	55,71±0,0035	0,46	0,07
A ₁ /A ₂ (H ₀)	26	0,51±0,021				
A ₂ /A ₂	9	0,19±0,026	A ₂	44,29±0,0027		

Примечание: H₀ – наблюдаемая гетерозиготность; H_e – средняя гетерозиготность на особь; Fis – индекс, измеряющий отклонения внутригрупповых (субпопуляционных) наблюдаемых гетерозиготностей от ожидаемых при равновесии.

Анализ таблицы 4 показал, что племенное ядро стада сбалансировано и находится в равновесии. Молоко от коров с генотипом CSN₂^{A2A2} отличается улучшенными качествами молочного белка и является более физиологичным для человеческого организма [2, 20]. Доля желательного аллеля A₂ составила 44,29 % в исследуемой группе.

Наличие заболеваний у крупного рогатого скота сказывается на их хозяйственно-биологических особенностях, а именно на молочной

продуктивности и долголетию. Коровы, обладающие выдающимися генетическими качествами, могут быть более восприимчивы к определенным заболеваниям, таким как остеопороз или метаболические расстройства [6, 11]. В связи с чем была изучена взаимосвязь между генотипом и здоровьем коров черно-пестрой породы. В таблице 5 представлена частота различных заболеваний у коров, носительниц генетических аномалий.

Таблица 5

Частота заболеваний коров с носительством генетических аномалий
Frequency of diseases of cows with genetic abnormalities

Генетическая аномалия	Частота заболеваний среди поголовья коров, %	
	Гинекологические	Заболевания конечностей
Брахиспина (BY)	20	10
Голштинский гаплотип (HH7)	10	10
Дефицит адгезии лейкоцитов (BLAD)	23	10
В среднем по стаду	34	16

Коровы с носительством аномалии брахиспина (BY) в большей степени имеют проблемы с репродуктивной функцией, гинекологические

заболевания встречаются чаще, чем другие виды заболеваний, – 20 % от всех зарегистрированных в исследуемой группе заболеваний.

У носителей аномалии BLAD выделены такие заболевания, как субинволюция матки, эндометрит, гипофункция яичников и персистентное желтое тело составляют 23 % в общем объеме заболеваний коров ведущей группы. В среднем в исследуемой группе удельный вес гинекологических заболеваний составляет 34 %, а заболеваний конечностей – 16 %.

Наличие в генотипе рецессивного аллеля, вызывающего генетические аномалии, способно снизить показатели воспроизводства стада по причине рождения генетически больных потомков.

В рамках исследований коровы черно-пестрой породы были тестированы на носительство 20 генетических аномалий. Из 20 возможных и наиболее распространенных в современных популяций молочного скота в исследуемой группе выявлены не все.

В ведущей группе стада выявлен факт носительства генетических аномалий. На рисунке 4 представлена частота встречаемости рецессивных генетических аномалий.

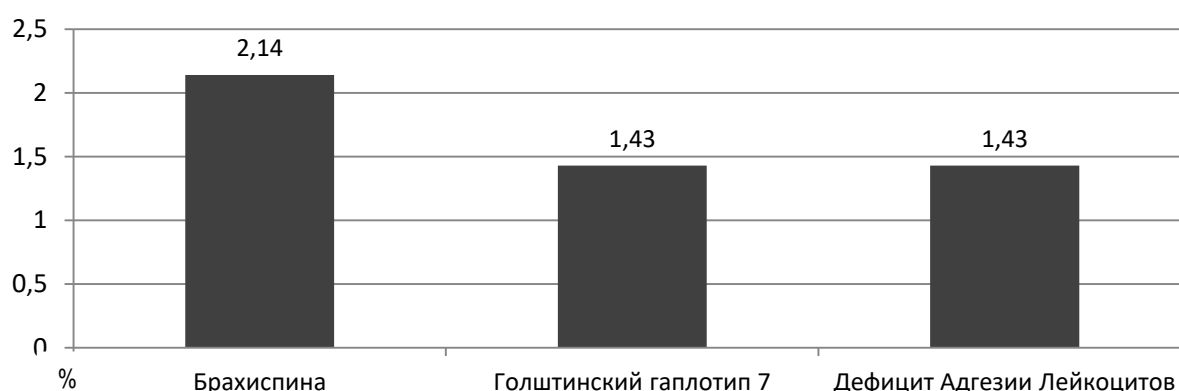


Рис. 4. Частота встречаемости аллелей генетических аномалий в отобранной группе коров, %
Frequency of occurrence of alleles of genetic anomalies in the selected group of cows, %

Наибольшее распространение в выборке имеет рецессивный аллель генетической аномалии брахиспина – 2,14 %. На долю рецессивного аллеля генетических аномалий голштинский гап-

лотип 7 и дефицит адгезии лейкоцитов приходится по 1,43 % в генетической структуре.

На рисунке 5 представлена вариабельность частот гетерозигот, носителей генетического груза.



Рис. 5. Доля носителей генетических аномалий в исследуемой выборке коров черно-пестрой породы
The proportion of carriers of genetic abnormalities in the studied sample of black-and-white cows

Наибольшее количество носителей генетической аномалии брахиспина – 4,28 % коров черно-пестрой породы. Носителями голштинского гаплотипа 7 и дефицита адгезии лейкоцитов являются 2,85 % коров исследуемой выборки.

Так как анализ генетического здоровья отцов коров исследуемой группы показал отсутствие носительства генетических аномалий, то следует вывод о концентрации генетического груза в маточном поголовье.

Для исключения распространения генетического груза в популяции важно контролировать закрепление родительских пар с учетом свободы от носительства генетических аномалий не только быков-производителей, но и коров.

Представленные результаты комплексного анализа разнообразия генотипов молочного скота отечественной селекции не противоречат полученными ранее данными ряда исследователей, в том числе и зарубежных, которые определяют значимость маркерной селекции при совершенствовании технологических свойств коровьего молока и относительно низкую частоту встречаемости аллелей, определяющих сыропригодность молока.

Заключение. Таким образом, генетическое разнообразие исследуемой группы по генам бета- и каппа-казеина позволяет использовать оптимальные генотипы в системе разведения и совершенствовать поголовье по технологическим характеристикам молока. Большинство коров (64,29 %) способны передать потомству желательный аллель A_2 гена CSN_2 , и более 65 % особей несут в своем генотипе аллель В гена CSN_3 , что свидетельствует о наличии генетической основы для оптимизации селекционных программ по совершенствованию отечественного генофонда молочного скота.

Носителями генетических аномалий, таких как брахиспина является 4,28 % от группы исследуемых коров черно-пестрой породы; голштинского гаплотипа 7 и дефицита адгезии лейкоцитов – 2,85 %. Анализ генетического здоровья отцов коров исследуемой выборки показал отсутствие носительства генетических заболеваний, следовательно, следует обратить внимание на маточное поголовье, которое составляет ведущую группу стада.

Список источников

1. Амерханов Х.А. Состояние и развитие молочного скотоводства в Российской Федерации // Молочное и мясное скотоводство. 2017. № 1. С. 2–5. EDN: XXIANR.
2. Долматова И.Ю., Ганиева И.Н., Кононенко Т.В., и др. Взаимосвязь полиморфных генов пролактина и соматотропина крупного рогатого скота с молочной продуктивностью // Вестник Башкирского государственного аграрного университета. 2020. № 1 (53). С. 70–78. DOI: 10.31563/1684-7628-2020-53-1-70-78. EDN: XJQNDQ.
3. Лиходеевская О.Е., Горелик О.В., Лиходеевский Г.А. Исследование генов, ассоциированных с молочной продуктивностью черно-пестрого скота // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. 2021. № 1 (87). С. 279–284. EDN: FFMAPC.
4. Селионова М.И., Плахтюкова В.Р. Полиморфизм генов мясной продуктивности у крупного рогатого скота, их связь с продуктивными показателями и методы контроля качества продукции // Новости науки в АПК. 2019. № 3 (12). С. 130–136. DOI: 10.25930/2218-855X/031.3.12.2019. EDN: DUJXON.
5. Чижова Л.Н., Суржикова Е.С., Михайленко Т.Н. Оценка генетического потенциала молодняка молочного скота по маркерным генам CSN_3 , GH, PIT-1, PRL // Вестник Курской государственной сельскохозяйственной академии. 2020. № 6. С. 40–46. EDN: SWRWQT.
6. Багаль И.Е., Хабибрахманова Я.А., Калашникова Л.А., и др. Молочная продуктивность коров холмогорской породы с разными генотипами молочных белков // Молочное и мясное скотоводство. 2015. № 7. С. 6–9. EDN: VCOIAT.
7. Иванова И.П. Планирование селекционно-племенной работы с молочным скотом в Омской области // Известия Горского государственного аграрного университета. 2022. Т. 59-3. С. 48–54. DOI: 10.54258/20701047_2022_59_3_48. EDN: MGMGAN.

8. Русанова С.А., Кольцов Д.Н. Мониторинг аллелей генетических маркеров в процессе селекции крупного рогатого скота бурой швицкой породы // Технические культуры. 2023. Т. 3, № 4 (10). С. 71–77. DOI: 10.54016/SVITOK.2023.36.31.008. EDN: UYRKKO.
9. Шевелева О.М., Часовщикова М.А., Суханова С.Ф. Продуктивные и некоторые биологические особенности генофондной породы скота салерс в условиях Западной Сибири // Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture. 2021. Vol. 13, № 1. P. 156–173. DOI: 10.12731/2658-6649-2021-13-1-156-173. EDN: GERQEL.
10. Исупова Ю.В., Ачкасова Е.В. Перспективы использования оценки геномной племенной ценности в селекции молочного скота в условиях Удмуртской Республики // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. 2021. № 4 (90). С. 307–311. EDN: YYBQKA.
11. Оконешникова Ю.А. Гены-маркеры, ассоциированные с продуктивными качествами крупного рогатого скота. В сб.: Научно-практическая конференция молодых ученых, посвященная Дню российской науки «Актуальные исследования молодых ученых – результаты и перспективы», Благовещенск, 8 февраля 2024 г. Благовещенск: Дальневосточный государственный аграрный университет, 2024. С. 77–81. EDN: VOUBLZ.
12. Попов Н., Некрасов А., Федотова Е. Генетическое маркирование в селекции скота // Животноводство России. 2020. № S2. С. 9–15. DOI: 10.25701/ZZR.2020.47.51.002. EDN: ZXFJUR.
13. Глазкова Н.Ю. Иммуногенетический полиморфизм коров голштинской породы в Орловской популяции молочного скота // Биология в сельском хозяйстве. 2021. № 1 (30). С. 25–27. EDN: TCUPZB.
14. Самбуров Н.В., Федоров Ю.Н. Хозяйственно-биологические особенности первотелок голштинской породы разного происхождения при акклиматизации в хозяйстве в условиях Центральной России // Сельскохозяйственная биология. 2022. № 57 (2). С. 316–327. DOI: 10.15389/agrobiology.2022.2.316rus. EDN: JMMUKN.
15. Шевелева О.М., Свяженина М.А., Часовщикова М.А. Селекционно-генетические параметры отбора коров по молочной продуктивности при совершенствовании стада крупного рогатого скота // Вестник Курганской ГСХА. 2023. № 1 (45). С. 60–68. EDN: RBXUBB.
16. Снигирев С.О., Ламонов С.А., Скоркина И.А. Молочная продуктивность коров разных генотипических групп черно-пестрого скота в зависимости от полиморфизма гена каппа-казеина // Вестник Мичуринского государственного аграрного университета. 2023. № 1 (72). С. 94–97. EDN: NOYXCZ.
17. Лефлер Т.Ф., Садыко С.Г. Сравнительная оценка молочной продуктивности коров разных линий // Вестник КрасГАУ. 2019. № 5 (146). С. 138–142. EDN: HPKEAY.
18. Van Schyndel S.J., Bauman C.A., Pascottini O.B., et al. Reproductive management practices on dairy farms: the Canadian national dairy study 2015 // Journal of Dairy Science. 2019. Vol. 102, № 2. P. 1822–1831.
19. Bijttebier J., Hamerlinck J., Moakes S., et al. Low-input dairy farming in Europe: exploring a context-specific notion // Agricultural Systems. 2017. Vol. 156. P. 43–51. DOI: 10.1016/j.agry.2017.05.016.
20. Мкртчян Г.В., Бакай А.В., Бакай И.Р. Наследование белкомолочности у крупного рогатого скота разной селекции // Аграрная наука. 2020. № 2. С. 36–38. DOI: 10.32634/0869-8155-2020-335-2-36-38. EDN: OQFVQE.

References

1. Amerkhanov KhA. Status and development of dairy cattle farming in the russian federation. *Molochnoe i myasnoe skotovodstvo*. 2017;(1):2-5. (In Russ.). EDN: XXIANR.
2. Dolmatova I, Ganieva I, Kononenko T, et al. Relationship of polymorphic prolactin genes and growth hormones in dairy cattle. *Vestnik BSAU*. 2020;(1):70-78. (In Russ.). DOI: 10.31563/1684-7628-2020-53-1-70-78. EDN: XJQNDQ.

3. Lihodeevskaya OE, Gorelik OV, Lihodeevsky GA. Research of genes associated with dairy productivity of black-potted cattle. *Izvestia Orenburg State Agrarian University*. 2021;87(1):279-284. (In Russ.). EDN: FFMAPC.
4. Selionova MI, Plahtyukova VR. Polymorphism of genes of meat productivity in large cattle, their connection with productive indicators and methods of quality control of meat products (review). *Novosti nauki v APK*. 2019;3:130-136. (In Russ.). DOI: 10.25930/2218-855X/031.3.12.2019. EDN: DUJXOH.
5. Chizhova LN, Surzhikova ES, Mikhaylenko TN. assessment of the genetic potential of young dairy cattle by marker genes. *Vestnik Kurskoj gosudarstvennoj sel'skohozyajstvennoj akademii*. 2020;(6):40-46. (In Russ.). EDN: SWRWQT.
6. Bagal IE, Khabibrakhmanova JA, Kalashnikova LA, et al. The milk productivity of cows of kholmogory breed with different genotypes of milk protein. *Molochnoe i myasnoe skotovodstvo*. 2015;(7):6-9. (In Russ.). EDN: VCOIAT.
7. Ivanova IP. Planning of selection and breeding of dairy cattle in the Omsk region. *Izvestiya Gorskogo gosudarstvennogo agrarnogo universiteta*. 2022;59-3:48-54. (In Russ.). DOI: 10.54258/20701047_2022_59_3_48. EDN: MGMGAH.
8. Rusanova SA, Koltsov DN. Monitoring of genetic markers in the breeding brown swiss cattle. *Technical Crops*. 2023;3(4):71-77. (In Russ.). DOI: 10.54016/SVITOK.2023.36.31.008. EDN: UYRKKO.
9. Sheveleva OM, Chasovshchikova MA, Sukhanova SF. Productive and some biological features of the salers cattle gene pool in the conditions of Western Siberia. *Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture*. 2021; 13(1):156-173. (In Russ.). DOI: 10.12731/2658-6649-2021-13-1-156-173. EDN: GERQEL.
10. Isupova YV, Achkasova EV. Prospects for using the assessment of the genomic breeding value in the selection of dairy cattle in the conditions of the Udmurt Republic. *Izvestia Orenburg State Agrarian University*. 2021;90(4):307-311. (In Russ.). EDN: YYBQKA.
11. Okoneshnikova YuA. Geny-markery, associirovannye s produktivnymi kachestvami krupnogo rogatogo skota. In: *Nauchno-prakticheskaya konferenciya molodyh uchenyh, posvyashchennaya Dnyu rossijskoj nauki "Aktual'nye issledovaniya molodyh uchenyh – rezul'taty i perspektivy"*, Blagoveshchensk, 8 Feb 2024 g. Blagoveshchensk: Dal'nevostochnyj gosudarstvennyj agrarnyj universitet, 2024. P. 77–81. (In Russ.). EDN: VOUBLZ.
12. Popov N, Nekrasov A, Fedotova E. Genetic marking in cattle selection. *Zhivotnovodstvo Rossii*. 2020;(S2):9-15. (In Russ.). DOI: 10.25701/ZZR.2020.47.51.002. EDN: ZXFJUR.
13. Glazkova NYu. Immunogenetic polymorphism of Holstein cows in the Orel population of dairy cattle. *Biology in Agriculture*. 2021;1:25-27. (In Russ.). EDN: TCUPZB.
14. Samburov NV, Fedorov YuN. Economic and biological characteristics of the first-calving holstein heifers of different origin during acclimatization on a farm in Central Russia. *Sel'skohozyajstvennaya biologiya*. 2022;57(2):316-327. (In Russ.). DOI: 10.15389/agrobiologiya.2022.2.316rus. EDN: JMMUKN.
15. Sheveleva OM, Svyazhenina MA, Chasovshchikova MA. Breeding and genetic parameters of selection of cows for dairy productivity in the improvement of the herd of cattle. *Vestnik Kurganskoj GSHA*. 2023;1:60-68. (In Russ.). EDN: RBXUBB.
16. Karelina OA, Fedosova OA, Kulakov VV. Milk productivity of cows of different genotypic groups of black-and-white cattle depending on the polymorphism of the kappa-casein gene. *Bulletin of Michurinsk State Agrarian University*. 2023;(1):94-97. (In Russ.). EDN: NOYXCZ.
17. Lefler TF, Sadyko SG. Comparative assessment of dairy efficiency of cows of different lines. *Billetin of KSAU*. 2019;(5):138-142. (In Russ.). EDN: HPKEAY.
18. Van Schyndel SJ, Bauman CA, Pascottini OB, et al. Reproductive management practices on dairy farms: the Canadian national dairy study 2015. *Journal of Dairy Science*. 2019;102(2):1822-1831.
19. Bijtbeier J, Hamerlinck J, Moakes S, et al. Low-input dairy farming in Europe: exploring a context-specific notion. *Agricultural Systems*. 2017;156:43-51. DOI: 10.1016/j.agsy.2017.05.016.

20. Mkrtchyan GV, Bakay AV, Bakay IR. Inheritance of protein milk production of cows of different breeding. *Agrarian science*. 2020;(2):36-38. (In Russ.). DOI: 10.32634/0869-8155-2020-335-2-36-38. EDN: OQFVQE.

Статья принята к публикации 31.03.2025 / The article accepted for publication 31.03.2025.

Информация об авторах:

Ирина Петровна Иванова¹, доцент кафедры разведения и генетики сельскохозяйственных животных, кандидат сельскохозяйственных наук, доцент

Елена Николаевна Юрченко², доцент кафедры разведения и генетики сельскохозяйственных животных, кандидат сельскохозяйственных наук

Юлия Андреевна Оконешникова³, ассистент кафедры разведения и генетики сельскохозяйственных животных

Information about the authors:

Irina Petrovna Ivanova¹, Associate Professor at the Department of Breeding and Genetics of Agricultural Animals, Candidate of Agricultural Sciences, Associate Professor

Elena Nikolaevna Yurchenko², Associate Professor at the Department of Breeding and Genetics of Agricultural Animals, Candidate of Agricultural Sciences

Yulia Andreevna Okoneshnikova³, Assistant Professor, Department of Breeding and Genetics of Farm Animals

