



Научная статья/Research article

УДК 636.2.034:636.082

DOI: 10.36718/1819-4036-2025-10-109-121

Анна Владимировна Ильина¹, Марина Владимировна Абрамова²✉,
Светлана Владимировна Зырянова³, Евгений Георгиевич Евдокимов⁴,
Юлия Валерьевна Муштукова⁵, Наталия Венедиктовна Приданникова⁶

^{1,2,3,4,5,6}Ярославский НИИ животноводства и кормопроизводства – филиал ФНЦ кормопроизводства и агроэкологии им. В.Р. Вильямса, Ярославль, Россия

¹annabilina@yandex.ru

²abramovam2016@yandex.ru

³zyryanovav2017@yandex.ru

⁴skrad200052@yandex.ru

⁵ymushtukova18@mail.ru

⁶na22ta@yandex.ru

КОМПЛЕКСНАЯ ОЦЕНКА МОЛОЧНОЙ ПРОДУКТИВНОСТИ КОРОВ В РАЗРЕЗЕ ГЕНОТИПОВ¹

Цель исследования – изучение влияния полиморфизма генов на молочную продуктивность и производственную типичность крупного рогатого скота ярославской породы. Задачи: изучить распределение генотипов и генетическое разнообразие по генам молочной продуктивности в популяции крупного рогатого скота ярославской породы; оценить молочную продуктивность коров в зависимости от генотипа по генам: синтаза жирных кислот (FASN), тиреоглобулин 5 (TG5), гипофизарный фактор транскрипции 1 (Pit 1), диацилглицерол О-ацилтрансфераза 1 (DGAT 1). Научно-производственный опыт проводился в племенных стадах Ярославской области в период 2024–2025 гг. Объект исследования – чистопородные коровы-первотелки ярославской породы (229 голов). Анализировали показатели молочной продуктивности (удой за 305 дней, содержание жира и белка, количество молочного жира и белка), промеры экстерьера (2–4-й месяц первой лактации), биологический материал (цельная кровь). Ген DGAT 1 мономорфен, это связано с направленным искусственным отбором. Ген FASN показал умеренное генетическое разнообразие, эффективное число аллелей 1,68, информационный индекс Шеннона 0,59, наблюдаемая гетерозиготность 0,48, ожидаемая гетерозиготность 0,40, индекс фиксации -0,18. Ген PIT1 имеет два аллеля, но более низкое эффективное число аллелей – 1,61, информационный индекс Шеннона 0,57. При этом отмечали существенное отклонение наблюдаемой гетерозиготности (0,28) от ожидаемой (0,38), что подтверждалось положительным значением индекса фиксации (0,26). По гену TG5 выявлено наибольшее генетическое разнообразие: эффективное число аллелей 1,91, информационный индекс Шеннона 0,67, наблюдаемая гетерозиготность 0,62, ожидаемая гетерозиготность 0,48, индекс фиксации -0,29. Исследование молочной продуктивности показало, что генотип гена FASN^{AG} оказывает наибольшее влияние на удой. Коровы с этим вариантом давали на 639 кг молока больше, чем коровы с вариантом FASN^{GG} ($p \leq 0,001$). Коровы с

генотипом TG5^{CT} на 377 кг превосходили по удою коров с вариантом TG5^{CC}. Коровы с вариантом FASN^{AG} имели более высокое содержание жира в молоке (4,56 %, $p \leq 0,05$) по сравнению с коровами с FASN^{AA} (+0,29 %). Коровы с генотипом TG5^{CT} имели более высокое содержание белка (3,32 %, $p \leq 0,001$) по сравнению с коровами с вариантом TG5^{CC} (+0,12 %). Все исследованные животные относились к молочному типу, наибольший показатель коэффициента производственной типичности выявлен у коров с генотипами FASN^{AG} (4,3, $p \leq 0,01$), TG5^{TT} (4,6) и Pit1^{AA} (4,5). Коров с комбинацией генетических вариантов FASN^{AG}, TG5^{TT} и Pit1^{AA} на основании коэффициента производственной типичности можно отнести к высокомолочному типу. Полученные данные необходимы для оценки генетической структуры породы и могут быть использованы при планировании селекционной работы.

Ключевые слова: крупный рогатый скот, гены молочной продуктивности, генетическое разнообразие, молочная продуктивность

Для цитирования: Ильина А.В., Абрамова М.В., Зырянова С.В., и др. Комплексная оценка молочной продуктивности коров в разрезе генотипов // Вестник КрасГАУ. 2025. № 10. С. 109–121. DOI: 10.36718/1819-4036-2025-10-109-121.

Финансирование: исследование выполнено в рамках темы государственного задания № 124092600010-5 «Разработать селекционную стратегию по совершенствованию и рациональному использованию генофонда крупного рогатого скота ярославской породы».

Anna Vladimirovna Il'ina¹, Marina Vladimirovna Abramova²✉,
Svetlana Vladimirovna Zyryanova³, Evgenij Georgievich Evdokimov⁴,
Yuliya Valer'evna Mushtukova⁵, Nataliya Venediktovna Pridannikova⁶

^{1,2,3,4,5,6}Federal Williams Research Center of Forage Production and Agroecology, Yaroslavl, Russia

¹annabilina@yandex.ru

²abramovam2016@yandex.ru

³zyryanovav2017@yandex.ru

⁴skrad200052@yandex.ru

⁵ymushtukova18@mail.ru

⁶na22ta@yandex.ru

COMPREHENSIVE ASSESSMENT OF COWS DAIRY PRODUCTIVITY IN THE GENOTYPES CONTEXT

The aim of the study is to investigate the influence of gene polymorphism on milk productivity and production typicality of Yaroslavl cattle. Objectives: to study the distribution of genotypes and genetic diversity for milk productivity genes in the Yaroslavl cattle population; to evaluate milk productivity of cows depending on the genotype for the following genes: fatty acid synthase (FASN), thyroglobulin 5 (TG5), pituitary transcription factor 1 (Pit 1), diacylglycerol O-acyltransferase 1 (DGAT 1). Research and production experiment was conducted in breeding herds of the Yaroslavl Region in the period 2024–2025. The object of the study was purebred first-calf heifers of the Yaroslavl breed (229 heads). The following parameters were analyzed: milk productivity (305-day milk yield, fat and protein content, milk fat and protein content), conformation measurements (2nd–4th month of the first lactation), and biological material (whole blood). The DGAT 1 gene is monomorphic, which is due to directional artificial selection. The FASN gene showed moderate genetic diversity, an effective allele count of 1.68, a Shannon information index of 0.59, an observed heterozygosity of 0.48, an expected heterozygosity of 0.40, and a fixation index of -0.18. The PIT1 gene has two alleles, but a lower effective allele count of 1.61 and a Shannon information index of 0.57. A significant deviation of the observed heterozygosity (0.28) from the expected one (0.38) was noted, which was confirmed by a positive fixation index value (0.26). The TG5 gene showed the greatest genetic diversity: effective number of alleles 1.91, Shannon information index 0.67, observed heterozygosity 0.62, expected heterozygosity 0.48, fixation index -0.29. A study of dairy productivity showed that the FASN^{AG} gene genotype has the greatest impact on milk yield. Cows with this variant produced 639 kg more milk

than cows with the $FASN^{GG}$ variant ($p \leq 0.001$). Cows with the $TG5^{CT}$ genotype yielded 377 kg more milk than cows with the $TG5^{CC}$ variant. Cows with the $FASN^{AG}$ variant had a higher fat content in milk (4.56 %, $p \leq 0.05$) compared to cows with $FASN^{AA}$ (+0.29 %). Cows with the $TG5^{CT}$ genotype had a higher protein content (3.32 %, $p \leq 0.001$) compared to cows with the $TG5^{CC}$ variant (+0.12 %). All animals studied were dairy cows, with the highest production typicality coefficients found in cows with the $FASN^{AG}$ (4.3, $p \leq 0.01$), $TG5^{TT}$ (4.6), and $Pit1^{AA}$ (4.5) genotypes. Cows with a combination of the $FASN^{AG}$, $TG5^{TT}$, and $Pit1^{AA}$ genetic variants can be classified as high-yielding dairy cows based on their production typicality coefficients. The data obtained are necessary for assessing the genetic structure of the breed and can be used in planning breeding efforts.

Keywords: cattle, dairy productivity genes, genetic diversity, dairy productivity

For citation: Il'ina AV, Abramova MV, Zyryanova SV, et al. Comprehensive assessment of cows dairy productivity in the genotypes context. *Bulletin of KSAU*. 2025;(10):109-121. (In Russ.). DOI: 10.36718/1819-4036-2025-10-109-121.

Funding: The study was conducted within the framework of state assignment No. 124092600010-5 "To develop a breeding strategy for the improvement and rational use of the Yaroslavl cattle gene pool."

Введение. Глобальная тенденция к индустриализации сельского хозяйства сопряжена с рядом рисков. Одним из таких рисков является уменьшение национальных генетических ресурсов, или генофондов животных [1].

Анализ полиморфных вариантов генов, отвечающих за молочную продуктивность, предоставляет возможность оценить уровень вариации аллельных форм в стадах крупного рогатого скота и определить степень гетерозиготности. Сохранение этих генов и их низкая степень эволюции у крупного рогатого скота по сравнению с другими плацентарными видами предоставляет возможность использовать их в качестве ДНК-маркеров в селекционном процессе [2–4]. Это особенно актуально при отборе быков-производителей и маточного поголовья по показателям продуктивности. В дальнейшем это позволит сформировать микропопуляции, способные производить продукцию с необходимыми технологическими свойствами [5, 6]. Изучение генетического полиморфизма открывает перспективы для вычисления генетических расстояний и составления генетических карт. Анализ аллельных вариантов генов, ответственных за белковую молочность, также способствует решению задачи сохранения чистоты отечественных молочных пород, особенно на фоне активного процесса голштинизации скота, наблюдаемого в последние десятилетия.

Улучшение отечественных пород сельскохозяйственных животных с целью увеличения объемов производства и удовлетворения потребностей населения зависит от наличия гене-

тического разнообразия популяций, а также от применения современных методов селекции. Использование метода ДНК-маркирования способствует выявлению генетических характеристик и ускорению селекционного процесса за счет отбора животных с предпочтительными генотипами [7–9].

Рост объемов валового производства молока достигается благодаря увеличению молочной продуктивности коров, что представляет собой главную тенденцию развития отрасли молочного скотоводства в Российской Федерации [10]. Сокращение поголовья пород отечественной селекции вызывает опасения, так как ценные генетические ресурсы этих животных заключают в себе высокую адаптивность к разным климатическим условиям, равно как и связь с историческими и культурными традициями российских регионов [11–13].

Цель исследования – изучение влияния полиморфизма генов на молочную продуктивность и производственную типичность крупного рогатого скота ярославской породы.

Задачи: изучить распределение генотипов и генетическое разнообразие по генам молочной продуктивности в популяции крупного рогатого скота ярославской породы; оценить молочную продуктивность коров в зависимости от генотипа по генам: синтаза жирных кислот ($FASN$), тиреоглобулин 5 ($TG5$), гипофизарный фактор транскрипции 1 ($Pit 1$), диацилглицерол О-ацил-трансфераза 1 ($DGAT 1$).

Объекты и методы. Научно-производственный опыт проводился в племенных стадах

Ярославской области в период 2024–2025 гг. Объект исследования – чистопородные коровы-первотелки ярославской породы в количестве 229 голов. Материалом для исследования послужили показатели молочной продуктивности (удой за 305 дней, содержание жира и белка, количество молочного жира и белка), промеры экстерьера (2–4-й месяц первой лактации), биологический материал (цельная кровь).

Исследования по изучению полиморфизма генов проводились в лаборатории генетики и биотехнологии Ярославского НИИЖК – филиала ФНЦ «ВИК им. В.Р. Вильямса».

Для анализа генетического разнообразия крупного рогатого скота изучен полиморфизм генов молочной продуктивности: синтаза жир-

ных кислот (FASN), тиреоглобулин 5 (TG5), гипофизарный фактор транскрипции 1 (Pit 1), диацилглицерол О-ацилтрансфераза 1 (DGAT 1).

Геномную ДНК выделяли из цельной крови, используя наборы «ДНК-Экстран-1» (ООО «Синтол», Россия) согласно инструкциям производителя. Полимеразно-цепную реакцию (ПЦР) проводили на термоциклере C1000 Touch (ООО «Био-Рад Лаборатории», Россия). При проведении ПЦР использовали готовую инкубационную смесь 5X ScreenMix-HS (ЗАО «Евроген») с добавлением 0,2 мкМ каждого праймера (ООО «Синтол», Россия).

Праймерные пары для проведения амплификации указаны в таблице 1.

Таблица 1

Праймеры для амплификации участков генов
Primers for amplification of gene regions

Наименование гена	Последовательность праймера
Синтаза жирных кислот (FASN)	F: 5' – AGAGCTGACGGACTCCACAC – 3' R: 5' – GCCGATGCACTCGATGTAG – 3'
Тиреоглобулин (TG5)	F: 5' – GGGGATGACTACGAGTATGACTG – 3' R: 5' – GTGAAAATCTTGTGGAGGCTGTA – 3'
Гипофизарный фактор транскрипции, Pit1 / HinfI	F: 5' – CAATGAGAAAGTTGGTGC – 3' R: 5' – TCTGCATTGAGATGCTC – 3'
АцилСоАдиацилглицеролацилтрансфераза 1 (DGAT1)	F: 5' – TGCTGGCCCTGATGGTCTACAC – 3' R: 5' – GAAGGAAGCAAGCGGACAGT – 3'

Температура отжига праймеров, концентрация ДНК подбирались эмпирически на основе теоретических расчетов. Для проверки и поиска оптимальных температур и времени этапов амплификации проводилась множественная градиентная ПЦР. Диапазон температур для подбора температуры на этапе отжига праймеров составил от 58 до 68 °С, разведения ДНК были кратны 0,5; 1; 2.

Полученные продукты амплификации обрабатывали при необходимости эндонуклеазами рестрикции (ООО «СибЭнзайм», Россия). Срок инкубации составлял не менее 16 ч при температуре 37 °С в сушильном шкафу Binder ED 115 (BINDER GmbH, Германия). Разделение рестрикционных фрагментов проводили с помощью электрофореза в 2 %-м агарозном геле (ООО «Компания Хеликон», Россия) окрашенным бромистым этидием (ООО «Компания Хеликон», Россия) в электрофорезной горизонтальной ка-

мере SubCell GT (ООО «Био-Рад Лаборатории», Россия) при напряжении 120 В с помощью источника питания «Эльф-4» («ООО ДНК-Технология», Россия) в течение 80 мин.

Результаты электрофореза анализировали с помощью гель-документирующей системы MolecularImagerGelDocXR (ООО «Био-Рад Лаборатории», Россия).

Для оценки генетического разнообразия рассчитаны показатели на основе формул, представленных в работах Л.А. Животовского (1991) [14] и В.М. Кузнецова (2014) [15].

Количество аллелей – N_a .

Количество эффективных аллелей:

$$N_e = \frac{1}{\sum p_i^2}, \quad (1)$$

где p_i – частота i -й аллели.

Информационный индекс Шеннона

$$I = -1 \cdot \sum p_i \cdot \ln p_i, \quad (2)$$

где p_i – частота i -й аллели.

Наблюдаемая гетерозиготность

$$H_o = \frac{N_{гет}}{N}, \quad (3)$$

где N – общее количество особей; $N_{гет}$ – количество особей-гетерозигот.

Ожидаемая гетерозиготность

$$H_e = 1 - \sum p_i^2, \quad (4)$$

где p_i – частота i -й аллели.

Индекс фиксации

$$F_{is} = \frac{(H_e - H_o)}{H_e}, \quad (5)$$

где H_o – наблюдаемая гетерозиготность; H_e – ожидаемая гетерозиготность.

Число степеней свободы

$$DF = (r - 1) \cdot (c - 1), \quad (6)$$

Критерий Хи-квадрат

$$\chi^2 = \sum_{i=1}^r \sum_{j=1}^c \frac{(O_{ij} - E_{ij})^2}{E_{ij}}, \quad (7)$$

где i – номер строки; j – номер столбца; r – общее количество строк; c – общее количество столбцов; O_{ij} – фактическое количество наблюдений в ячейке ij ; E_{ij} – ожидаемое число наблюдений в ячейке ij .

Для оценки статистической значимости различий между эмпирическими и теоретическими частотами встречаемости генотипов применяли критерий Хи-квадрат (χ^2) Пирсона [16]. Теоретические частоты встречаемости рассчитывали на основе закона Харди – Вайнберга [14]. Для выявления частных различий эмпирического и теоретического распределений применялся z -тест. Критический уровень значимости принимали равным 0,05 ($\alpha = 0,05$). Для обработки и статистического анализа данных использовали программное обеспечение: Python 3.9.7, MS Excel, GenAlEx 6.51 [16].

Количество молока, полученного на 100 кг живой массы подопытных коров, – коэффициент молочности (КМ) – определяли по формуле

$$КМ = \frac{Y}{ЖМ} \cdot 100, \quad (8)$$

где Y – удой коровы за 305 дней первой лактации, кг; $ЖМ$ – живая масса по первой лактации, кг.

Коэффициент производственной типичности (КПТ) определяли по формуле, предложенной Ничиком Б. (1987) [17]:

$$КПТ = \frac{Y \cdot ИД}{B \cdot ИС}, \quad (9)$$

где Y – удой за 305 дней первой лактации, кг; $ИД$ – индекс длинноности, %; B – живая масса по первой лактации, кг; $ИС$ – индекс сбитости, %.

Производственную типичность определяли по значению коэффициента следующим образом: КПТ больше 3 – молочное направление; КПТ от 2 до 3 – молочно-мясное направление; КПТ от 1 до 2 – мясо-молочное направление.

Промеры экстерьера определялись по стандартным методикам, биометрическая обработка данных проводилась с использованием «пакета анализа», встроенного в MS Excel, и программы Statistica 10 по методикам Н.А. Плохинского [18].

Результаты и их обсуждение. В результате исследований установлено, что во всех генах наблюдается аллельный полиморфизм, кроме диацилглицерол О-ацилтрансферазы 1, для которого выявлен только один аллель и гомозиготный генотип DGAT^{KK}. Аналогичные результаты по отсутствию полиморфизма в гене (DGAT1) установили на коровах белорусской черно-пестрой породы А.Н. Михалюк и Л.А. Танана (2023) [19].

Для гена синтазы жирных кислот наблюдается значительное отклонение от ожидаемых значений: гомозиготный генотип FASN^{AA} встречается реже (4,21 %), чем ожидаемо в равновесном распределении (7,93 %), в то время как гетерозиготный генотип FASN^{AG} и гомозиготный генотип FASN^{GG} встречаются чаще ожидаемого (47,89 % к 40,46 % и 47,89 % к 51,61 % соответственно).

Для гена гипофизарного фактора транскрипции отмечается преобладание гомозиготного генотипа PIT 1/Hinf 1^{AA} (60,56 % к 55,72 %), при этом гетерозиготный генотип PIT 1/Hinf 1^{AB} встречается реже ожидаемого (28,17 % к 37,85 %). Гомозиготный генотип PIT 1/Hinf 1^{BB} также демонстрирует значительное отклонение, встречаясь чаще ожидаемого (11,27 % к 6,43 %).

В случае гена тиреоглобулина наблюдается преобладание гетерозиготного генотипа TG5^{CT} относительно ожидаемого распределения (61,57 % против 47,62 %). Гомозиготный генотип TG5^{CC} встречается реже ожидаемого (30,13 % против 37,11 %), а гомозиготный генотип TG5^{TT} также демонстрирует значительное отклонение, встречаясь реже (8,30 % против 15,27 %).

По-видимому, такое распределение частот генотипов характерно для ярославской породы, поскольку, изучая распределение полиморфных генотипов в популяции татарстанского типа холмогорской породы, Ю.Р. Юльметьевой, Ш.К. Шакировым (2020) было установлено преобладание гомозиготного генотипа TG5^{CC}, частота которого составила 63,5 %. Количество гетерозигот составило 32,1 %, а гомозиготный генотип TG5^{TT} имел наименьшую частоту встречаемости – 4,4 % [20].

Анализ данных показывает, что наиболее выраженные отклонения от ожидаемых частот наблюдаются для генотипов TG5, PIT 1/Hinf 1 и FASN, это может свидетельствовать о наличии селективного давления на данные аллели в исследуемой популяции. Полученные данные подтверждаются наличием статистически значимых различий между теоретически ожидаемым по закону Харди – Вайнберга и наблюдаемым распределением частот генотипов (табл. 2).

Ген диацилглицерол О-ацилтрансферазы 1 (DAGAT1) характеризуется полным отсутствием генетического разнообразия, что подтверждается значениями числа аллелей ($N_a = 1,00$), эффективного числа аллелей ($N_e = 1,00$), информационным индексом Шеннона ($I = 0,00$) и наблюдаемой гетерозиготностью ($H_o = 0,00$), указывающими на наличие только одной аллели и мономорфность гена в исследуемой популяции (табл. 3).

Таблица 2

**Анализ соответствия распределения частот генотипов теоретически ожидаемому
равновесному распределению Харди – Вайнберга**
**Analysis of the correspondence of the genotype frequency distribution
to the theoretically expected Hardy-Weinberg equilibrium distribution**

Ген	Число степеней свободы DF	Значение критерия Хи-квадрат χ^2	Достигнутый уровень значимости p-value
Ген диацилглицерол О-ацилтрансферазы 1	–	–	–
Синтаза жирных кислот	1	6,419	0,011
Гипофизарный фактор транскрипции	1	9,289	0,002
Тиреоглобулин	1	19,671	0,000

Ген синтазы жирных кислот (FASN) имеет умеренное генетическое разнообразие с двумя аллелями, эффективным числом аллелей 1,68 и информационным индексом Шеннона, равным 0,59. Наблюдаемая гетерозиготность ($H_o = 0,48$) незначительно превышает ожидаемую ($H_e = 0,40$), что подтверждается отрицательным значением индекса фиксации ($F_{is} = -0,18$) (табл. 3).

Гипофизарный фактор транскрипции (PIT1) также имеет два аллеля, но более низкие эффективное число аллелей ($N_e = 1,61$) и информационный индекс Шеннона ($I = 0,57$). При этом наблюдается существенное отклонение наблюдаемой гетерозиготности ($H_o = 0,28$) от ожидае-

мой ($H_e = 0,38$), что подтверждается положительным значением индекса фиксации ($F_{is} = 0,26$) и говорит о дефиците гетерозигот по этому гену (см. табл. 3).

Наиболее высоким генетическим разнообразием характеризуется ген тиреоглобулина (TG5), имеющий два аллеля, эффективное число аллелей 1,91 и информационный индекс Шеннона $I = 0,67$. Наблюдаемая гетерозиготность ($H_o = 0,62$) значительно превышает ожидаемую ($H_e = 0,48$), что подтверждается отрицательным значением индекса фиксации ($F_{is} = -0,29$) (см. табл. 3).

**Показатели генетического разнообразия популяции крупного рогатого скота
ярославской породы**
Indicators of the genetic diversity of the Yaroslavl cattle population

Показатель	Ген диацилглицерол О-ацилтрансферазы 1	Синтаза жирных кислот	Гипофизарный фактор транскрипции	Тирео- глобулин
Объем выборки N	70	190	142	229
Число аллелей N_a	1,00	2,00	2,00	2,00
Эффективное число аллелей N_e	1,00	1,68	1,61	1,91
Информационный индекс Шеннона I	0,00	0,59	0,57	0,67
Наблюдаемая гетерозиготность H_o	0,00	0,48	0,28	0,62
Ожидаемая гетерозиготность H_e	0,00	0,40	0,38	0,48
Индекс фиксации F_{is}	–	-0,18	0,26	-0,29

Оценка взаимосвязи генотипов по изученным генам с молочной продуктивностью коров показала: животные с генотипом FASN^{AG} достоверно превосходили гомозиготных животных с генотипом FASN^{GG} по надою за 305 дней первой лак-

тации на 639 кг ($p \leq 0,001$) молока (табл. 4). По содержанию молочного жира достоверное превосходство также выявлено у первотелок с генотипом FASN^{AG} над животными с генотипом FASN^{AA} 0,29 % ($p \leq 0,05$): оно составило 4,54 %.

Таблица 4

Молочная продуктивность коров по первой лактации в зависимости от генотипа ($M \pm m$)
Milk productivity of cows after the first lactation, depending on the genotype ($M \pm m$)

Признак	FASN			TG5			Pit 1/Hinf		
	AA	AG	GG	TT	CT	CC	AA	AB	BB
Удой за 305 дней, кг	5700± 517,3	5699± 144,9***	5060± 115,0	5758± 332,7	5549± 114,7*	5172± 103,5	5941± 157,9	5816± 269,7	5437± 343,9
МДЖ, %	4,25± 0,14	4,54± 0,06*	4,48± 0,06	4,36± 0,10	4,46± 0,04	4,37± 0,07	4,41± 0,04	4,34± 0,06	4,48± 0,08
Количество молочного жира, кг	243,4± 24,7	257,7± 6,7***	226,2± 24,7	250,5± 14,6	247,1± 5,4*	226,3± 6,0	262,0± 7,4	255,5± 12,7	243,2± 15,5
МДБ, %	3,40± 0,06*	3,27± 0,02	3,27± 0,02	3,31± 0,06	3,32± 0,02***	3,20± 0,02	3,26± 0,02	3,33± 0,04	3,32± 0,05
Количество молочного белка, кг	194,3± 18,2	187,4± 5,4**	166,4± 4,3	191,1± 11,7*	184,5± 4,2***	165,7± 3,6	194,3± 5,7	197,9± 10,9	181,6± 12,7
Живая масса, кг	519± 21,5	499± 5,4***	476± 3,4	477± 8,7	494± 4,1***	474± 4,3	501± 5,3	509± 10,7	487± 15,7
Коэффициент молочности, кг	1094,0± 92,1	1219± 32,7**	1104,0± 28,2	1376,0± 133,7	1169,0± 25,0	1175,0± 32,6	1268± 39,2*	1170,0± 54,7	1123,0± 58,4

По комплексному выходу молочного жира и белка на 100 кг живой массы также особи с генотипом FASN^{AG} превосходили показатели гомо-

зигот с генотипом FASN^{GG} на 7,5 кг ($p \leq 0,01$) (см. табл. 4).

Особи с генотипом FASN^{AG} произвели больше молока на 100 кг живой массы по сравнению с животными с генотипами FASN^{AA} и FASN^{GG} на 125 кг и 115 кг соответственно, и КМ составил 1219,0 кг молока.

По производственной типичности коровы всех генотипов FASN относились к молочному типу (КПТ > 3,0), однако особи с генотипом FASN^{AG} отличались более молочным типом ($p \leq 0,01$). Показатель КПТ составил у FASN^{AG} 4,3, FASN^{AA} – 4,3; FASN^{GG} – 3,9 (рис. 1).

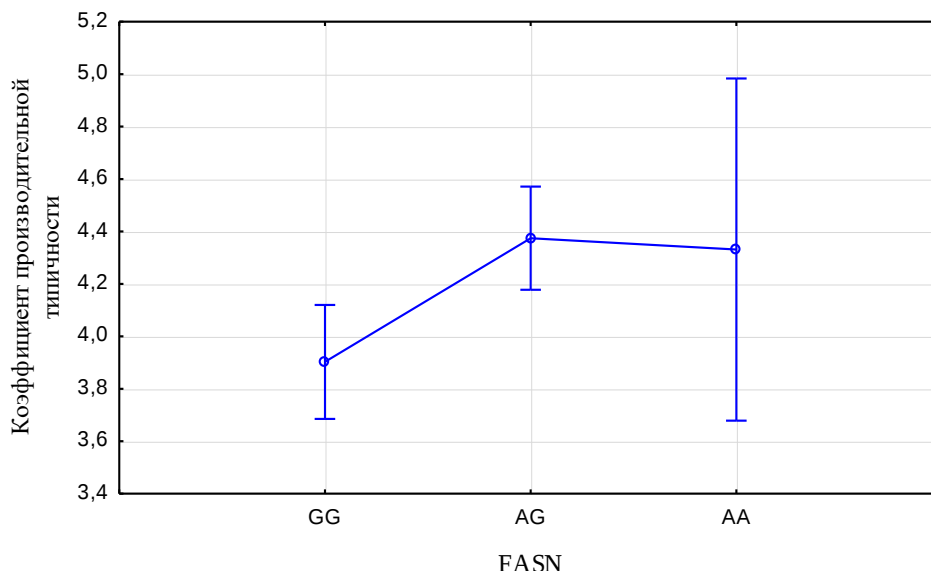


Рис. 1. Расчет различий средних методом LSMeans по гену FASN
Calculation of differences in averages using the LS Means method for the FASN gene

Установлена статистически значимая разница между показателями коэффициента производственной типичности у особей с генотипами FASN^{AG} и FASN^{GG} ($p = 0,0018$) (рис. 1).

При оценке продуктивных показателей коров, генотипированных по гену TG5, была выявлена тенденция превосходства особей с гетерозиготным генотипом TG5^{CT} по качественным показателям молока (см. табл. 4). Так, по содержанию жира показатель гетерозигот равнялся 4,46 %, превосходство над гомозиготами TG5^{TT} и TG5^{CC} составило 0,10 и 0,09 абс. % соответственно. По содержанию массовой доли белка животные с генотипом TG5^{CT} превосходили показатели гомозигот TG5^{CC} на 0,12 абс. % ($p \leq 0,01$).

Изучая взаимосвязь продуктивных признаков с полиморфизмом гена TG5, Е.О. Крупин и Ш.К. Шакиров (2019) выявили существенные различия по содержанию массовой доли жира в молоке у коров с генотипами CC и TC (на 0,29 %) [21].

По удою за 305 дней первой лактации, количеству молока на 100 кг живой массы гомозиготы TG5^{TT} превосходили особей с генотипами

TG5^{CT} и TG5^{CC}. Это подтверждается и значением коэффициента производственной типичности, первотелки с генотипом TG5^{TT} имели более молочный тип (КПТ = 4,6), однако разница не была статистически значима ($p = 0,3472$) (рис. 2).

У животных, генотипированных по гену Pit 1/Hinf, достоверных различий по показателям молочной продуктивности установить не удалось. Однако проведенный анализ показал, что особи с генотипом Pit 1^{AA} превосходили показатели животных с генотипами Pit 1^{AB} и Pit 1^{BB} по удою за первую лактацию на 125 и 504 кг молока соответственно, по общему выходу молочного жира и белка – на 2,9 и 31,6 кг соответственно, по общему выходу молочного жира и белка на 100 кг живой массы – на 3,4 и 8,5 кг соответственно. Также от коров с гомозиготным генотипом Pit 1^{AA} получено больше молока на 100 кг живой массы (КМ = 1268,0 кг) по сравнению с особями с генотипом Pit 1^{AB} (КМ = 1170,0 кг) и Pit 1^{BB} (КМ = 1123,0 кг), т. е. они имели лучшую конверсию корма.

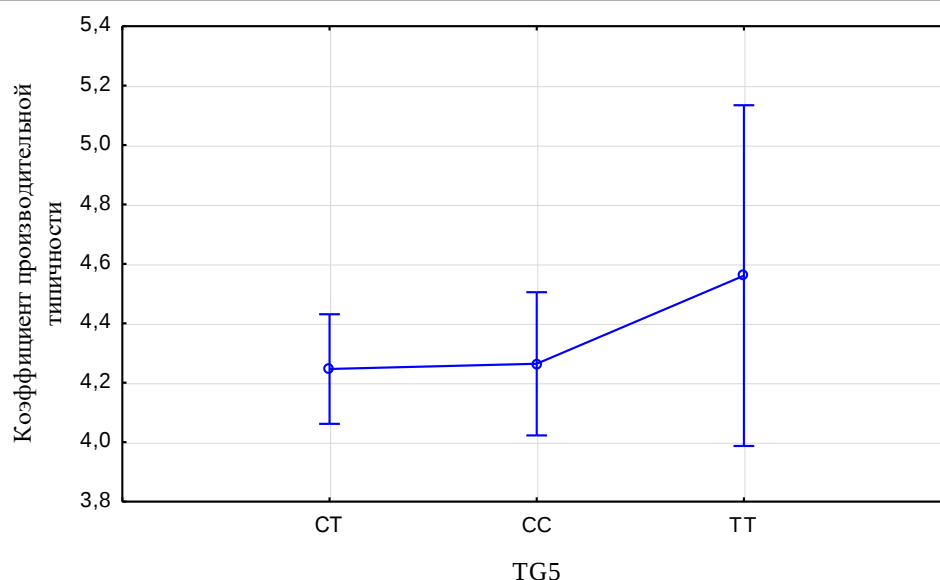


Рис. 2. Расчет различий средних методом LSMeans по гену TG5
Calculation of differences in averages by the LS Means method for the TG5 gene

Аналогичную зависимость молочной продуктивности от генотипа Pit 1^{AA} установили М.В. Позовникова и Г.Н. Сердюк (2017) у помесных коров черно-пестрой и голштинской пород Ленинградской популяции [22].

Также гомозиготы Pit 1^{AA} имели более молочный тип (КПТ = 4,5) по сравнению со сверстниками с генотипами Pit 1^{AB} (КПТ = 4,3) и Pit 1^{BB}

(КПТ = 4,1) ($p_{AA-AB} = 0,1534$; $p_{AA-BB} = 0,1231$) (рис. 3).

Т.Ф. Лефлер, И.В. Крашенинникова (2022) сообщают о влиянии генотипа коров на молочную продуктивность и коэффициент молочности, который находился в пределах 1064,6–1261,7, что выше общепринятого стандарта (800) на 133,1–157,7 %, это свидетельствует о соответствии коров молочному типу [23].

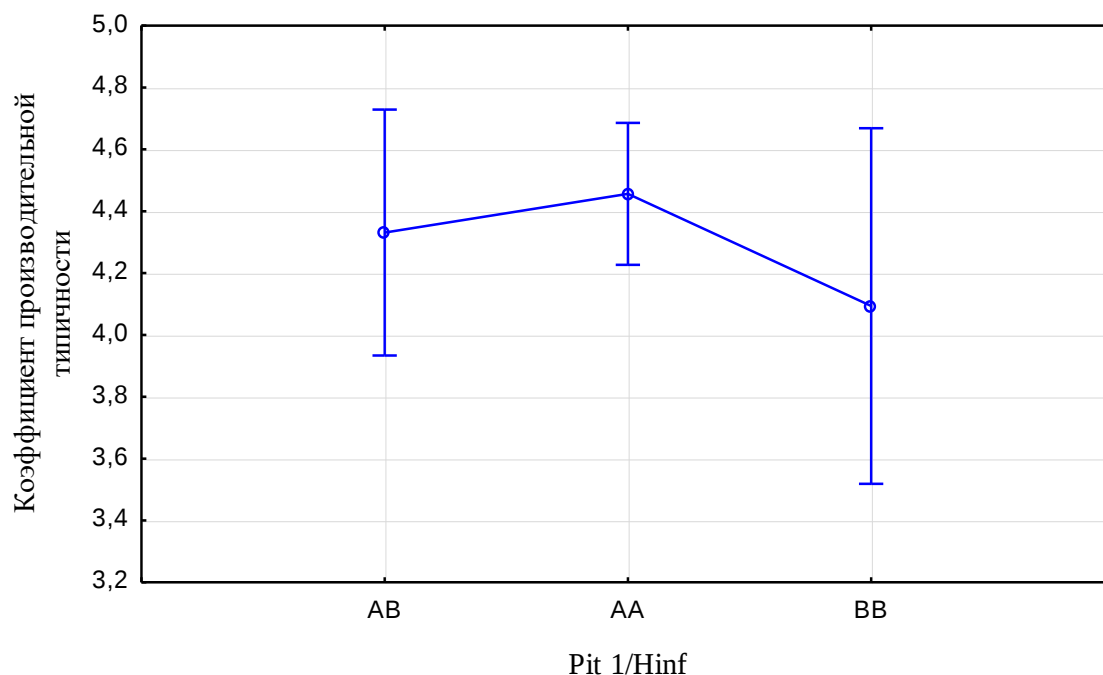


Рис. 3. Расчет различий средних методом LSMeans по гену Pit 1
Calculation of differences in averages by the LS Means method for the Pit 1 gene

Заключение. Исследование генетического разнообразия крупного рогатого скота ярославской породы выявило существенные различия между анализируемыми генами. Наиболее важным результатом является полное отсутствие полиморфизма в гене DAGAT1, что может свидетельствовать о его высокой консервативности или действии направленного стабилизирующего селекционного отбора. Ген тиреоглобулина проявляет максимальное генетическое разнообразие ($Fis = -0,29$), что указывает на преобладание гетерозигот и аутбредный способ подбора родительских пар. Умеренное разнообразие FASN ($Fis = -0,18$) указывает на его значимость в метаболических процессах, а особенности распределения PIT1 ($Fis = 0,26$) могут быть связаны с его функцией в регуляции транскрипции. Полученные данные имеют важное значение для понимания генетической структуры породы и могут быть использованы при планировании селекционной работы.

На основании оценки молочной продуктивности коров по первой лактации установлено, что

наибольшее статистически значимое влияние на удой молока оказывает аллельный полиморфизм гена FASN^{AG}. От них получено на 639 кг молока больше ($p \leq 0,001$) относительно гомозигот FASN^{GG}. Коровы с генотипом TG5^{CT} имели больший удой по сравнению со сверстницами с генотипом TG5^{CC} на 377 кг молока ($p \leq 0,05$).

Качественные показатели молока в исследуемых стадах были в наибольшей степени обусловлены полиморфизмом генов FASN и TG5: первотелки с генотипом FASN^{AG} превосходили по массовой доле жира животных с генотипом FASN^{AA} на 0,29 % ($p \leq 0,05$); животные с генотипом TG5^{CT} превосходили показатели гомозигот TG5^{CC} по массовой доле белка на 0,12 % ($p \leq 0,001$).

Наибольший коэффициент молочности установлен у особей с генотипом FASN^{AG} и Pit 1^{AA} – 1219 и 1268 кг молока на 100 кг живой массы соответственно. Согласно значению коэффициента производственной типичности коров с генотипами FASN^{AG}TG5^{TT} и Pit 1^{AA} можно отнести к высокомолочному типу.

Список источников

1. Клименко А.И., Холодова М.А., Усенко Л.Н., и др. Теоретические основы и принципы развития различных форм хозяйствования в аграрном секторе России в условиях новой экономической реальности. Рассвет: ФРАНЦ; АзовПринт, 2021. 184 с.
2. Sebastiani C., Arcangeli C., Ciullo M., et al. Frequencies Evaluation of β -Casein Gene Polymorphisms in Dairy Cows Reared in Central Italy // *Animals* (Basel). 2020. Vol. 10, is. 2. P. 252.
3. Roy R., Ordovas L., Zaragoza P., et al. Association of polymorphisms in the bovine FASN gene with milk-fat content // *Animalgenetics*. 2006. Vol. 37, is. 3. P. 215–218.
4. Абрамова М.В., Ильина А.В., Евдокимов Е.Г., и др. Оценка генетического разнообразия крупного рогатого скота по маркерным генам молочной продуктивности // *Ветеринария и кормление*. 2024. № 6. С. 4–8.
5. 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.
6. Степанов А.В., Чеченихина О.С., Быкова О.А., и др. Изучение показателей продуктивности коров черно-пестрой породы с учетом генотипов ДНК-маркеров // *Вестник Курганской ГСХА*. 2022. № 2 (42). С. 25–35. DOI: 10.52463/22274227_2022_42_25.
7. Скачкова О.А., Бригада А.В. Селекция на повышение молочной продуктивности у крупного рогатого скота: значение генетических маркеров-предикторов // *Ветеринария и кормление*. 2022. № 2. С. 47–49.
8. Przybylska P., Kuczaj M. Relationship between Selected SNPs (g.16024A/G, g.16039T/C and g.16060A/C) of the FASN Gene and the Fat Content and Fatty Acid Profile in the Milk of Three Breeds of Cows // *Animals*. 2024. Vol. 14, is. 13. P. 1934.
9. Sebastiani C., Arcangeli C., Ciullo M., et al. Frequencies Evaluation of β -Casein Gene Polymorphisms in Dairy Cows Reared in Central Italy // *Animals*. 2020. Vol. 10. P. 252.

10. Коновалов А.В., Алексеев А.А., Абрамова М.В. Тенденции развития молочного скотоводства Ярославской области // Молочное и мясное скотоводство. 2021. № 2. С. 8–12.
11. Матюков В.С., Тырина Ю.О., Кантанен Ю., и др. О генетических особенностях и селекционной ценности местного скота (на примере холмогорской породы) // Сельскохозяйственная биология. 2013. № 2. С. 19–30.
12. Кулинцев В.В., Улимбашев М.Б., Голембовский В.В., и др. Состояние племенной базы молочного скотоводства Ставропольского края // Сельскохозяйственный журнал. 2019. № 3 (12). С. 64–71.
13. Паронян И.А. Современное состояние генофонда молочных и молочно-мясных пород крупного рогатого скота в Российской Федерации // Достижения науки и техники АПК. 2020. Т. 34. № 6. С. 79–83.
14. Животовский Л.А. Популяционная биометрия. М.: Наука, 1991. 271 с.
15. Кузнецов В.М. F-статистики Райта: оценка и интерпретация // Проблемы биологии продуктивных животных. 2014. Т. 4. С. 80–104.
16. Kate R., Kale D., Singh J., et al. Polymorphisms within Intron-4 and Exon-4 regions of SPP1 gene and their association with milk traits in Gaolao cattle // The Indian Journal of Animal Sciences. 2023. Vol. 93, is. 1. P. 51–55. DOI: 10.56093/ijans.v93i1.121380.
17. Ничик Б.А. Совершенствование молочного типа симментальской породы – резерв повышения удоев стад // Животноводство. 1987. № 12. С. 14–16.
18. Плохинский Н.А. Руководство по биометрии для зоотехников. М.: Колос, 1969. 256 с.
19. Михалюк А.Н., Танана Л.А. Ассоциация комплекса полиморфных вариантов генов DGAT1, GH, PRL и BLG с показателями молочной продуктивности коров белорусской черно-пестрой породы // Ученые записки учреждения образования Витебская ордена Знак почета государственная академия ветеринарной медицины. 2023. Т. 59, № 1. С. 62–70. DOI: 10.52368/2078-0109-2023-59-1-62-70.
20. Юльметьева Ю.Р., Шакиров Ш.К. Ассоциативные связи гена тиреоглобулина с продуктивным долголетием молочного скота // Молочное и мясное скотоводство. 2020. № 1. С. 14–19. DOI: 10.33943/MMS.2020.65.47.004.
21. Крупин Е.О., Шакиров Ш.К. Ассоциация молочной продуктивности, содержания жира и белка в молоке коров с полиморфизмом по генам GH и TG5 при сбалансированном кормлении // Достижения науки и техники АПК. 2019. Т. 33, № 10. С. 62–66. DOI: 10.24411/0235-2451-2019-11014.
22. Позовникова М.В., Сердюк Г.Н. Связь полиморфизма гена Pit-1 с продуктивными признаками голштинизированного черно-пестрого скота // Генетика и разведение животных. 2017. № 4. С. 37–41.
23. Лефлер Т.Ф., Крашенинникова И.В. К вопросу о влиянии генотипа на продуктивные качества коров // Вестник КрасГАУ. 2022. № 5. С. 170–176. DOI: 10.36718/1819-4036-2022-5-170-176.

References

1. Klimenko AI, Holodova MA, Usenko LN, et al. *Teoreticheskie osnovy i principy razvitiya razlichnyh form hozyajstvovaniya v agrarnom sektore Rossii v usloviyah novoj ekonomicheskoy real'nosti*. Rassvet: FRANC; AzovPrint; 2021. 184 p. (In Russ.).
2. Sebastiani C, Arcangeli C, Ciullo M, et al. Frequencies Evaluation of β -Casein Gene Polymorphisms in Dairy Cows Reared in Central Italy. *Animals (Basel)*. 2020;10(2):252. DOI: 10.3390/ani10020252.
3. Roy R, Ordovas L, Zaragoza P, et al. Association of polymorphisms in the bovine FASN gene with milk-fat content. *Animal genetics*. 2006;37(3):215-8. DOI: 10.1111/j.1365-2052.2006.01434.x.
4. Abramova MV, Il'ina AV, Evdokimov EG, et al. Assessment of the genetic diversity of cattle by marker genes of dairy productivity. *Veterinariya i kormlenie*. 2024;6:4-8. (In Russ.). DOI: 10.30917/att-vk-1814-9588-2024-6-1.

5. Dolmatov Yu, Ganieva IN, Kononenko TV, et al. Relationship of polymorphic prolactin genes and growth hormones in dairy cattle. *Vestnik Bashkir State Agrarian University*. 2020;1(53):70-78. (In Russ.). DOI: 10.31563/1684-7628-2020-53-1-70-78.
6. Stepanov AV, Chechenihina OS, Bykova OA, et al. Study of the productivity indicators of black-and-white breed cows taking into account genotypes of DNA markers. *Vestnik Kurganskoj GSHA*. 2022;2(42):25-35. (In Russ.). DOI: 10.52463/22274227_2022_42_25.
7. Skachkova OA, Brigada AV. Selection for increasing milk production of cattle: the value of genetic predictor markers. *Veterinariya i kormlenie*. 2022; 2:47-49. (In Russ.). DOI: 10.30917/att-vk-1814-9588-2022-2-13.
8. Przybylska P, Kuczaj M. Relationship between selected SNPs (g.16024A/G, g.16039T/C and g.16060A/C) of the FASN gene and the fat content and fatty acid profile in the milk of three breeds of cows. *Animals (Basel)*. 2024;14(13):1934. DOI: 10.3390/ani14131934.
9. Sebastiani C, Arcangeli C, Ciullo M, et al. Frequencies eEvaluation of β -casein gene polymorphisms in dairy cows reared in central Italy. *Animals*. 2020;10:252. DOI: 10.3390/ani10020252.
10. Konovalov AV, Alekseev AA, Abramova MV. Directions of development of dairy cattle breeding in the yaroslavl region. *Journal of dairy and beef cattle breeding*. 2021;2:8-12. (In Russ.). DOI: 10.33943/MMS.2021.15.73.002.
11. Matyukov VS, Tyrina YuO, Kantanen Yu, et al. About features and selective value of the gene pool in local cattle (for kholmogory breed as an example). *Agricultural biology*. 2013;2:19-30. (In Russ.).
12. Kulincev VV, Ulimbashev MB, Golembovskij VV, et al. Sostoyanie plemennoj bazy molochnogo skotovodstva Stavropol'skogo kraja. *Agricultural journal*. 2019;3(12):64-71. (In Russ.).
13. Paronyan IA. The current state of the gene pool of dairy and dairy-meat cattle breeds in the Russian Federation. *Achievements of science and technology in agro-industrial complex*. 2020;34(6):79-83. (In Russ.). DOI: 10.24411/0235-2451-2020-10615.
14. Zhivotovskij LA. *Populyacionnaya biometriya*. Moscow: Nauka; 1991. 271 p. (In Russ.).
15. Kuznecov VM. Wright's f-statistics: estimation and interpretation. *Problems of productive animal biology*. 2014;4:80-104. (In Russ.).
16. Kate R, Kale D, Singh J, et al. Polymorphisms within Intron-4 and Exon-4 regions of SPP1 gene and their association with milk traits in Gaolao cattle. *The Indian Journal of Animal Sciences*. 2023;93(1):51-55. DOI: 10.56093/ijans.v93i1.121380.
17. Nichik BA. Sovershenstvovanie molochnogo tipa simmental'skoj породы – rezerv povysheniya udoev stad. *Zhivotnovodstvo*. 1987;12:14-16. (In Russ.).
18. Plohinskij NA. *Rukovodstvo po biometrii dlya zootekhnikov*. Moscow: Kolos; 1969. 256 p. (In Russ.).
19. Mikhajluk AN, Tanana IA. Association of a complex of polymorphic variants of the DGAT1, GH, PRL and BLG genes with indicators of dairy productivity of belarusian black-and-white cows. *Uchenye zapiski uchrezhdeniya obrazovaniya Vitebskaja ordena Znak pocheta gosudarstvennaja akademija veterinarnoj mediciny*. 2023; 59(1):62-70. (In Russ.). DOI: 10.52368/2078-0109-2023-59-1-62-70.
20. Yulmeteva YR, Shakirov ShK. The association of the thyroglobulin gene with the productive longevity of dairy cattle. *Journal of dairy and beef cattle breeding*. 2020;1:14-19. (In Russ.). DOI: 10.33943/MMS.2020.65.47.004.
21. Krupin EO, Shakirov ShK. Association of milk productivity, fat and protein content in cow's milk with GH and TG5 genes polymorphism at balanced feeding. *Achievements of science and technology in agro-industrial complex*. 2019;33(10):62-66 (In Russ.). DOI: 10.24411/0235-2451-2019-11014.
22. Pozovnikova MV, Serdjuk GN. The relationship of gene polymorphism of Pit-1 with the productive characteristics of holsteinized black-motley cattle. *Genetics and breeding of animals*. 2017;(4):37-41. (In Russ.).
23. Lefler TF, Krashenninnikova IV. On the issue of the genotype influence on the cows' productive qualities. *Bulletin of KSAU*. 2022;(5):170-176. (In Russ.). DOI: 10.36718/1819-4036-2022-5-170-176.

Статья принята к публикации 26.08.2025 / The article accepted for publication 26.08.2025.

Информация об авторах:

Анна Владимировна Ильина, ведущий научный сотрудник, кандидат сельскохозяйственных наук
Марина Владимировна Абрамова, ведущий научный сотрудник, кандидат сельскохозяйственных наук
Светлана Владимировна Зырянова, старший научный сотрудник
Евгений Георгиевич Евдокимов, старший научный сотрудник, кандидат биологических наук
Юлия Валерьевна Муштукова, старший научный сотрудник
Наталия Венедиктовна Приданникова, научный сотрудник

Information about the authors:

Anna Vladimirovna Il'ina, Leading Researcher, Candidate of Agricultural Sciences
Marina Vladimirovna Abramova, Leading Researcher, Candidate of Agricultural Sciences
Svetlana Vladimirovna Zyryanova, Senior Researcher
Evgenij Georgievich Evdokimov, Senior Researcher, Candidate of Biological Sciences
Yuliya Valer'evna Mushtukova, Senior Researcher
Nataliya Venediktovna Pridannikova, Researcher

