

6. Манукян, В. А. Современные подходы к кормлению высокопродуктивных кроссов птицы, контроль безопасности и качества комбикормов / В. А. Манукян, Г. В. Красноярецев, Е. Ю. Байковская // Птица и птицепродукты. – 2015. – № 5. – С. 22-24.
7. Наставления по использованию нетрадиционных кормов в рационах птицы / под общ. ред. В. И. Фисинина. – Сергиев Посад, 2010. – 45 с.
8. Обзор рынка мяса и мясной продукции Республики Беларусь [Электронный ресурс] // BIK Ratings. – Режим доступа: <https://bikratings.by/>. – Дата доступа: 23.01.2022.

УДК 636.2.082.2:636.034(476)

ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ КОРОВ КРАСНОЙ БЕЛОРУССКОЙ ПОРОДНОЙ ГРУППЫ, БЕЛОРУССКОЙ ЧЕРНО-ПЕСТРОЙ ПОРОДЫ И ГОЛШТИНСКОЙ ПОРОДЫ МОЛОЧНОГО СКОТА ОТЕЧЕСТВЕННОЙ СЕЛЕКЦИИ ПО ГЕНАМ ДИАЦИЛГЛИЦЕРОЛ О-АЦИЛТРАНСФЕРАЗЫ 1 (DGAT1), СОМАТОТРОПИНА (GH), ПРОЛАКТИНА (PRL) И БЕТА-ЛАКТОГЛОБУЛИНА (BLG)

А. Н. Михалюк

УО «Гродненский государственный аграрный университет»

г. Гродно, Республика Беларусь (Республика Беларусь, 230008,

г. Гродно, ул. Терешковой, 28; e-mail: ggau@ggau.by)

Ключевые слова: ген диацилглицерол О-ацилтрансферазы 1 (DGAT1), ген соматотропина (GH), ген пролактина (PRL), ген бета-лактоглобулина (BLG), крупный рогатый скот, генетическая структура, генетическое равновесие.

Аннотация. Оценка генетической структуры коров изучаемых пород и породных групп показала, что по генам соматотропина (GH) и пролактина (PRL) наблюдалось генетическое равновесие, т. е. частота встречаемости генотипов фактическая и ожидаемая практически совпала. В отношении гена диацилглицерол О-ацилтрансферазы 1 (DGAT1) результаты исследований показали, что все животные имели лишь один генотип – DGAT1^{KK}, т. е. по данному гену отсутствовал полиморфизм. В отношении гена бета-лактоглобулина (BLG) было установлено, что ожидаемая частота встречаемости генотипов значительно отличается от фактической и может указывать на нарушение генетического равновесия, что подтверждается расчетом критерия хи-квадрат (χ^2). Нарушение генетического равновесия может свидетельствовать об усиленной селекции по данному гену, характеризующему молочную продуктивность животных.

EVALUATION OF THE GENETIC STRUCTURE OF COWS OF THE RED BELARUSIAN BREED GROUP, THE BELARUSIAN BLACK-AND-WHITE BREED AND THE HOLSTEIN BREED OF DAIRY CATTLE OF DOMESTIC BREEDING BY THE GENES OF DIACYLGLYCEROL O-ACYL TRANSFERASE 1 (DGAT1), SOMATOTROPIN (GH), PROLACTIN (PRL) AND BETA-LACTOGLOBULIN (BLG)

A. N. Mikhalyuk

EI «Grodno state agrarian university»

Grodno, Republic of Belarus (Republic of Belarus, 230008, Grodno, 28 Tereshkova st.; e-mail: ggau@ggau.by)

Key words: *diacylglycerol O-acyl transferase 1 (DGAT1) gene, somatotropin (GH) gene, prolactin (PRL) gene, beta-lactoglobulin (BLG) gene, cattle, genetic structure, genetic equilibrium.*

Summary. *Evaluation of the genetic structure of cows of the studied breeds and breed groups showed that genetic equilibrium was observed for the genes of somatotropin (GH) and prolactin (PRL), i. e. the frequency of occurrence of the actual and expected genotypes practically coincided. With respect to the diacylglycerol O-acyltransferase 1 (DGAT1) gene, the results of the studies showed that all animals had only one genotype – DGAT1^{KK}, i. e. there was no polymorphism for this gene. With respect to the beta-lactoglobulin (BLG) gene, it was found that the expected frequency of occurrence of genotypes differs significantly from the actual one and may indicate a violation of genetic equilibrium, which is confirmed by the calculation of the chi-squared criterion (χ^2). Violation of the genetic balance may indicate enhanced breeding for this gene, which characterizes the dairy productivity of animals.*

(Поступила в редакцию 03.06.2022 г.)

Введение. Анализ генетической структуры популяции с использованием полиморфных систем представляет значительный интерес для селекционеров и находит применение при сравнительном изучении внутривидовых групп, выяснения их генетического сходства и различий, степени гомогенности и иммуногенетическом контроле селекционно-племенной работы [1]. Современные методы молекулярной генетики позволяют определять наследуемые по кодоминантному типу аллельные варианты генов, связанные с молочной продуктивностью. К настоящему времени выявлено большое количество генов, ассоциированных с параметрами молочной продуктивности, определена их локализация в хромосомах и последовательность пар нуклеотидов в их молекулярной структуре, установлены причины возникновения полиморфизма генов в результате точковых мутаций в соответствующих локусах молекул

ДНК [6]. Характеристика генофонда крупного рогатого скота по полиморфизму генов, связанных с показателями молочной продуктивности животных, крайне важна для создания стад с более высокими качественными показателями молока.

В этой связи **целью работы** явилась оценка генетической структуры коров красной белорусской породной группы, белорусской черно-пестрой породы и голштинской породы молочного скота отечественной селекции по генам диацилглицерол О-ацилтрансферазы 1 (DGAT1), соматотропина (GH), пролактина (PRL) и бета-лактоглобулина (BLG).

Материал и методика исследований. Объектом исследований являлся генетический материал (ушной выщип) от коров красной белорусской породной группы в количестве 104 проб, коров белорусской черно-пестрой породы в количестве 105 проб, содержащихся в УСП «Новый Двор-Агро» Свислочского района Гродненской области, а также от коров голштинской породы молочного скота отечественной селекции, содержащихся в СПК им. И. П. Сенько Гродненского района, в количестве 105 проб. Генотипирование животных по генам соматотропина (GH) и диацилглицерол О-ацилтрансферазы 1 (DGAT 1) проводили с использованием метода полимеразной цепной реакции (ПЦР) и полиморфизма длин рестрикционных фрагментов (ПДРФ). Ядерную ДНК выделяли перхлоратным методом. Основные растворы для выделения ДНК, амплификации готовили по Т. Маниатису, Э. Фрич, Дж. Сэмбруку [3].

Для амплификации участков генов GH и DGAT1 использовали праймеры:

GH 1: 5' CCG TGT CTA TGA GAA GC 3'

GH 2: 5' GTT CTT GAG CAG CGC GT 3'

DGAT1 1: 5' CAC CAT CCT CTT CCT CAA GC 3'

DGAT1 2: 5' ATG CGG GAG TAG TCC ATG TC 3'.

Реакционная смесь для проведения амплификации по генам соматотропина (GH) и диацилглицерол О-ацилтрансферазы 1 (DGAT 1) состояла из:

Компоненты:	Концентрация на 1 пробу:
1 x Таq-буфер	1 x
50 mM MgCl ₂	2-5 mM
Смесь дНТФ	2-4 mM
Праймер 1	10-25 пМ
Праймер 2	10-25 пМ
Таq-полимераза	0,5-1,5 е. а.
ДНК	0,5-1 мкл
H ₂ O	до 25 мкл

ПЦР-программа GH: 94 °С, 4 мин; 35 циклов – 94 °С, 45 с; 65 °С, 45 с; 72 °С, 45 с; достройка или финальная элонгация – 72 °С, 7 мин. Концентрацию и специфичность амплификата оценивали электрофоретическим методом в 2%-м агарозном геле при напряжении 120 В, 50-60 мин. Длина амплифицированного фрагмента гена GH составила 223 п. о. Для рестрикции амплифицированного участка гена GH применяли эндонуклеазу AluI. Реакцию проводили при температуре 37 °С. Продукты рестрикции генов разделяли электрофоретически в 3%-м агарозном геле при напряжении 130 В, 50-60 мин, в 1×TBE буфере. Визуализацию фрагментов проводили при УФ-свете на системе геле-документирования Gel Doc RX+(BIORAD) с использованием бромистого этидия. При расщеплении продуктов амплификации гена GH рестриктазой идентифицировались генотипы: GH^{LL} – 208 п. н.; GH^{LV} – 208/172/35 п. н.; GH^{VV} – 172/35 п. н. (рисунок 1).

ПЦР-программа DGAT1: 94 °С, 5 мин; 30 циклов – 94 °С, 30 с; 59 °С, 40 с; 72 °С, 40 с; достройка или финальная элонгация – 72 °С, 7 мин. Концентрацию и специфичность амплификата оценивали электрофоретическим методом в 2%-м агарозном геле при напряжении 120 В, 50-60 мин. Длина амплифицированного фрагмента гена DGAT1 составила 411 п. о. Для рестрикции амплифицированного участка гена DGAT1 применяли эндонуклеазу AcoI. Реакцию проводили при температуре 37 °С. Продукты рестрикции генов разделяли электрофоретически в 3%-м агарозном геле при напряжении 130 В, 50-60 мин, в 1×TBE буфере. Визуализацию фрагментов проводили при УФ-свете на системе геле-документирования Gel Doc RX+(BIORAD) с использованием бромистого этидия. При расщеплении продуктов амплификации по гену DGAT1 идентифицировался генотип: DGAT1^{KK} – фрагмент 411 п. н. (рисунок 2).

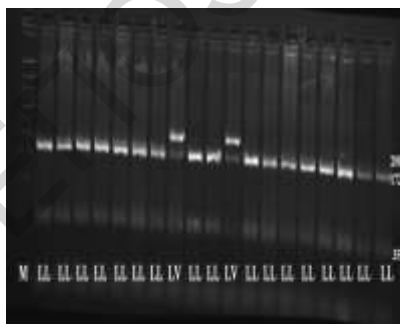


Рисунок 1 – Электрофореграмма рестрикционного анализа гена GH

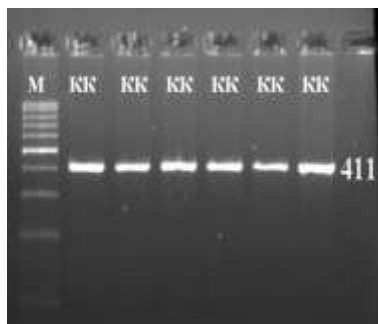


Рисунок 2 – Электрофореграмма рестрикционного анализа гена DGAT1

Для амплификации участка гена BLG использовали праймеры:

BLG 1: 5' TGT GCT GGA CAC CGA CTA CAA AAA G 3'

BLG 2: 5' GCT CCC GGT ATA TGA CCA CCC TCT 3'.

ПЦР-программа BLG: 94 °С, 5 мин; 30 циклов – 94 °С, 30 с; 59 °С, 40 с; 72 °С, 20 с; элонгация – 72 °С, 3 мин. Концентрацию и специфичность амплификата оценивали электрофоретическим методом в 2%-м агарозном геле при напряжении 120 В, 50-60 мин. Длина фрагмента гена BLG – 247 п. о. Для рестрикции амплифицированного участка гена BLG применяли эндонуклеазу BsuRI (Hae III). Реакцию проводили при температуре 37 °С. Продукты рестрикции генов разделяли электрофоретически в 3%-м агарозном геле при напряжении 130 В, 50-60 мин, в 1×TBE буфере. Визуализацию фрагментов проводили при УФ-свете на системе гель-документирования Gel Doc RX+(BIORAD) с использованием бромистого этидия. При расщеплении продуктов амплификации по гену BLG идентифицируются следующие генотипы: BLG^{AA} – фрагменты 148/99 п. н.; BLG^{AB} – фрагменты 148/99/74 п. н.; BLG^{BB} – фрагменты 99/74 п. н. (рисунок 3).

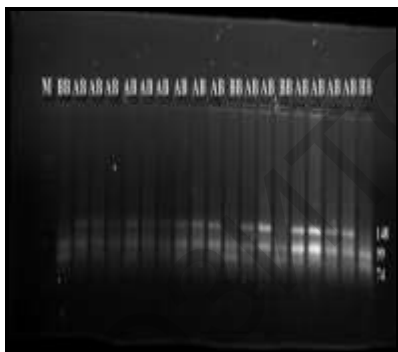


Рисунок 3 – Электрофореграмма рестрикционного анализа гена BLG

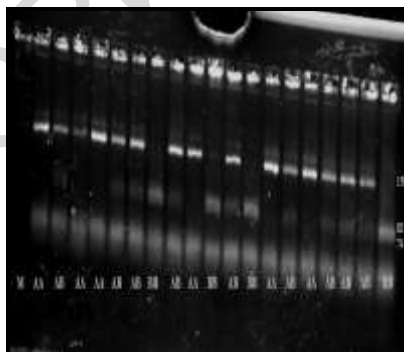


Рисунок 4 – Электрофореграмма рестрикционного анализа гена PRL

Для амплификации участка гена PRL использовали праймеры:

PRL 1: 5' CGA GTC CTT ATG AGC TTG ATT CTT 3'

PRL 2: 5' GCC TTC CAG AAG TCG TTT GTT TTC 3.

ПЦР-программа PRL: 94 °С, 4 мин; 35 циклов – 94 °С, 45 с; 65 °С, 45 с; 72 °С, 45 с; элонгация – 72 °С, 7 мин. Концентрацию и специфичность амплификата оценивали электрофоретическим методом в 2%-м агарозном геле при напряжении 120 В, 50-60 мин. Длина амплифицированного фрагмента гена PRL – 156 п. о. Для рестрикции амплифицированного участка гена PRL применяли эндонуклеазу Rsa I. Реакцию проводили при температуре 37 °С. Продукты рестрикции

генов разделяли электрофоретически в 3%-м агарозном геле при напряжении 130 В, 50-60 мин, в 1×TBE буфере. Визуализацию фрагментов проводили при УФ-свете на системе геледокументирования Gel Doc RX+(BIO RAD) с использованием бромистого этидия. При расщеплении продуктов амплификации по гену PRL идентифицируются следующие генотипы: PRL^{AA} – длиной 156 п. н.; PRL^{AB} – 156/82/74 п. н.; PRL^{BB} – 82/74 п. н. (рисунок 4).

Частота встречаемости аллелей по генам диацилглицерол О-ацилтрансферазы 1 (DGAT1), пролактина (PRL), бета-лактоглобулина (BLG) и соматотропина (GH) рассчитана по формулам 1-2 по Е. К. Меркурьевой [4]:

$$\begin{aligned} pL &= 2n LL + n LV / 2N, \\ qV &= 2n VV + n LV / 2N, \end{aligned} \quad (1)$$

$$\begin{aligned} pA &= 2n AA + n AB / 2N, \\ qB &= 2n BB + n AB / 2N, \end{aligned} \quad (2),$$

где pA – частота аллеля А; qB – аллель В; pL – частота аллеля L; qV – аллель V; n – количество гомозиготных или гетерозиготных особей; N – общая численность обследованных животных; 2N – число аллелей данного двухаллельного локуса в обследованной популяции.

Для оценки генетического равновесия в популяции по изучаемым генам определяли критерий хи-квадрат (χ^2) или критерий Пирсона по формуле 3 [5]:

$$\chi^2 = \sum (p_{\text{факт}} - p_{\text{ожд}}) / p_{\text{ожд}} \quad (3)$$

где χ^2 – критерий Пирсона; $p_{\text{факт}}$ – частота встречаемости генотипов фактическая (эмперическая); $p_{\text{ожд}}$ – частота встречаемости генотипов ожидаемая (теоретическая).

Для изучения молочной продуктивности подопытные животные красной белорусской породной группы, белорусской черно-пестрой породы и голштинской породы молочного скота отечественной селекции были сгруппированы в зависимости от возраста: первотелки, коровы второго и третьего отелов. Молочную продуктивность коров определяли по результатам контрольных доений. В статистическую обработку включали показатели по животным, продолжительность лактации у которых была не менее 240 дней. У животных с различными генотипами по изучаемым генам учитывали удой, массовую долю жира и белка, выход молочного жира и белка за 305 дней лактации.

Селекционно-генетические параметры основных хозяйственно полезных признаков определяли методами биологической статистики в описании Н. А. Плохинского [7], используя при этом компьютерную программу Microsoft Excel.

Результаты исследований и их обсуждение. В таблице 1 представлена генетическая структура коров красной белорусской породной группы по генам диацилглицерол О-ацилтрансферазы 1 (DGAT1), соматотропина (GH), пролактина (PRL), бета-лактоглобулина (BLG).

Таблица 1 – Генетическая структура коров красной белорусской породной группы по генам соматотропина (GH), диацилглицерол О-ацилтрансферазы 1 (DGAT1), пролактина (PRL), бета-лактоглобулина (BLG) (n = 104)

Ген	Частота встречаемости								Критерий χ^2
	фактическая					Ожидаемая			
	аллелей		генотипов, %			генотипов, %			
DGAT1	A	K	KK	AK	AA	KK	AK	AA	-
	-	1,0	100,0	-	-	100,0	-	-	
GH	L	V	LL	LV	VV	LL	LV	VV	0,1784
	0,813	0,187	66,0	32,0	2,0	66,0	30,0	4,0	
PRL	A	B	AA	AB	BB	AA	AB	BB	2,3142
	0,870	0,130	74,0	26,0	-	76,0	22,0	2,0	
BLG	A	B	AA	AB	BB	AA	AB	BB	9,2470
	0,543	0,457	22,0	65,0	13,0	29,0	50,0	21,0	

В результате проведенных исследований установлено, что у коров красной белорусской породной группы по гену диацилглицерол О-ацилтрансферазы 1 (DGAT1) все животные имели лишь один генотип – DGAT1^{KK}, т. е. по данному гену отсутствовал полиморфизм. Хотя ген DGAT1 еще не достаточно изучен, известно, что он локализован на 14 хромосоме генома *Bos Taurus* и определен как генетический маркер, влияющий на качество молока. Ген DGAT1 используется в биосинтезе липидов и связан с жирномолочностью коров [2]. Установлено (Grisart B., 2002), что генотип DGAT1^{KK} является наиболее желательным, т. к. коровы, имеющие данный генотип производят более жирное молоко, чем коровы с генотипами DGAT1^{AK} и DGAT1^{AA} [8]. Полученные в наших исследованиях данные свидетельствуют о том, что стадо хорошо отселекционировано и все животные имеют желательный по показателю жирномолочности генотип – DGAT1^{KK}. Установлен полиморфизм гена соматотропина (GH), представленный двумя аллелями – GH^L и GH^V, при этом идентифицировано три генотипа GH^{LL}, GH^{LV} и GH^{VV}. Распределение генотипов по гену соматотропина составило: GH^{LL} – 66 %, GH^{LV} – 32 % и GH^{VV} – 2 % коров.

По результатам исследований установлен полиморфизм гена пролактина (PRL), представленный двумя аллелями – PRL^A и PRL^B, при этом идентифицировано два генотипа PRL^{AA} и PRL^{AB}. Среди опытных животных чаще встречались особи с генотипом PRL^{AA} – 74 %, с гено-

типом PRL^{AB} – 26 % особей. Что касается гена бета-лактоглобулина (BLG), то также установлен его полиморфизм. Он представлен двумя аллелями – BLG^A и BLG^B, при этом было идентифицировано три генотипа: BLG^{AA}, BLG^{AB} и BLG^{BB}. Фактическая частота встречаемости особей с генотипом BLG^{AB} составила 65 %, с генотипом BLG^{AA} – 22 %, а с генотипом BLG^{BB} – 13 % соответственно. При этом ожидаемая частота встречаемости особей с генотипом BLG^{AB} была 50,0 %, BLG^{AA} – 29 % и BLG^{BB} – 21 % соответственно. Сравнив полученные результаты, можно отметить значительные отклонения между фактической и ожидаемой частотой встречаемости генотипов. Для оценки генетического равновесия по изучаемым генам был определен критерий хи-квадрат (χ^2). Анализ критерия хи-квадрат (χ^2) свидетельствует о том, что по гену соматотропина (GH) и пролактина (PRL) генетическое равновесие не нарушено, а частота встречаемости генотипов фактическая практически соответствует ожидаемой. Что касается гена бета-лактоглобулина (BLG), то полученные данные свидетельствуют о нарушении генетического равновесия, что может указывать на генетическое давление на данный ген, а это значит, на усиленную селекцию по показателю молочной продуктивности (обильномолочности).

В таблице 2 приведена генетическая структура коров белорусской черно-пестрой породы по генам диацилглицерол О-ацилтрансферазы 1 (DGAT1), соматотропина (GH), пролактина (PRL), бета-лактоглобулина (BLG).

Таблица 2 – Генетическая структура коров белорусской черно-пестрой породы по генам соматотропина (GH), диацилглицерол О-ацилтрансферазы 1 (DGAT1), пролактина (PRL), бета-лактоглобулина (BLG) (n = 105)

Ген	Частота встречаемости								Критерий χ^2
	фактическая					Ожидаемая			
	аллелей		генотипов, %			генотипов, %			
DGAT1	A	K	KK	AK	AA	KK	AK	AA	–
	–	1,0	100,0	–	–	100,0	–	–	
GH	L	V	LL	LV	VV	LL	LV	VV	0,1096
	0,848	0,152	71,0	27,0	2,0	72,0	26,0	2,0	
PRL	A	B	AA	AB	BB	AA	AB	BB	0,2267
	0,786	0,214	61,0	35,0	4,0	62,0	34,0	4,0	
BLG	A	B	AA	AB	BB	AA	AB	BB	25,9944
	0,614	0,386	24,0	49,0	27,0	38,0	47,0	15,0	

Изучение генетической структуры коров белорусской черно-пестрой породы по гену диацилглицерол О-ацилтрансферазы 1 (DGAT1)^{KK} показало, что все животные имели лишь один генотип – DGAT1^{KK}, т. е. по данному гену отсутствовал полиморфизм. В исслед-

дованиях был установлен полиморфизм гена соматотропина (GH), представленный двумя аллелями – GH^L и GH^V , при этом идентифицировано три генотипа GH^{LL} , GH^{LV} и GH^{VV} . Среди исследуемых коров генотипы распределились следующим образом: GH^{LL} – 71 %, GH^{LV} – 27 %, GH^{VV} – 2 % животных.

По результатам исследований установлен полиморфизм гена пролактина (PRL), представленный двумя аллелями – PRL^A и PRL^B , при этом идентифицировано три генотипа PRL^{AA} , PRL^{AB} и PRL^{BB} . Среди опытных животных чаще встречались особи с генотипом PRL^{AA} – 61 %, с генотипом PRL^{AB} – 35 %, а с генотипом PRL^{BB} – 4 % особей соответственно. Что касается гена бета-лактоглобулина (BLG), то также установлен его полиморфизм. Он представлен двумя аллелями – BLG^A и BLG^B , при этом было идентифицировано три генотипа: два гомозиготных – AA и BB, гетерозиготный – AB. Частота встречаемости особей с генотипом BLG^{AB} составила 49 %, с генотипом BLG^{AA} – 24 %, а с генотипом BLG^{BB} – 27 % соответственно. Анализ ожидаемой частоты встречаемости генотипов свидетельствует о значительных отклонениях показателей от фактических значений и может указывать на нарушение генетического равновесия, что подтверждается критерием хи-квадрат (χ^2). Подобные изменения могут свидетельствовать об усиленной селекции по данному гену, характеризующему молочную продуктивность животных. Анализ критерия хи-квадрат (χ^2) по генам соматотропина (GH) и пролактина (PRL) не обнаружил нарушения генетического равновесия в изучаемой популяции коров.

В результате проведенных исследований коров голштинской породы молочного скота отечественной селекции по гену диацилглицерол О-ацилтрансферазы 1 (DGAT1) установлено, что все животные имели лишь один генотип – $DGAT1^{KK}$, т. е. по данному гену отсутствовал полиморфизм. Вместе с тем установлен полиморфизм гена соматотропина (GH), представленный двумя аллелями – GH^L и GH^V , при этом идентифицировано три генотипа GH^{LL} , GH^{LV} и GH^{VV} . Среди исследуемых животных чаще встречались особи с генотипом GH^{LL} – 72 %. Генотип GH^{LV} установлен у 23 % поголовья, а генотип GH^{VV} – у 5 % коров.

В таблице 3 приведена генетическая структура коров голштинской породы молочного скота отечественной селекции по генам диацилглицерол О-ацилтрансферазы 1 (DGAT1), соматотропина (GH), пролактина (PRL), бета-лактоглобулина (BLG).

Таблица 3 – Генетическая структура изучаемой популяции коров голштинской породы молочного скота отечественной селекции по генам соматотропина (GH), диацилглицерол О-ацилтрансферазы 1 (DGAT1), пролактина (PRL), бета-лактоглобулина (BLG) (n = 105)

Ген	Частота встречаемости								Критерий χ^2
	фактическая					Ожидаемая			
	аллелей		генотипов, %			генотипов, %			
DGAT1	A	K	KK	AK	AA	KK	AK	AA	–
	–	1,0	100,0	–	–	100,0	–	–	
GH	L	V	LL	LV	VV	LL	LV	VV	4,0031
	0,82 9	0,17 1	72,0	23,0	5,0	69,0	28,0	3,0	
PRL	A	B	AA	AB	BB	AA	AB	BB	1,6311
	0,75 2	0,24 8	54,0	43,0	3,0	57,0	37,0	6,0	
BLG	A	B	AA	AB	BB	AA	AB	BB	19,3324
	0,51 0	0,49 0	15,0	72,0	13,0	50,0	26,0	24,0	

По результатам исследований установлен полиморфизм гена пролактина (PRL), представленный двумя аллелями – PRL^A и PRL^B, при этом идентифицировано три генотипа PRL^{AA}, PRL^{AB} и PRL^{BB}. Среди опытных животных чаще встречались особи с генотипом PRL^{AA} – 54 %, с генотипом PRL^{AB} – 43 % и с генотипом PRL^{BB} – 3 % животных. Анализ ожидаемой частоты встречаемости генотипов по генам соматотропина (GH) и пролактина (PRL) показал, что она незначительно отличалась от фактической, это подтверждается расчетом критерия хи-квадрат (χ^2) и может свидетельствовать о генетическом равновесии исследуемой группы коров по этим генам. В отношении гена бета-лактоглобулина (BLG) также установлен полиморфизм. Он представлен двумя аллелями – BLG^A и BLG^B, при этом было идентифицировано три генотипа: два гомозиготных – AA и BB, гетерозиготный – AB. Частота встречаемости особей с генотипом BLG^{AB} – 72 %, с генотипами BLG^{AA} и BLG^{BB} было примерно поровну – 15 и 13 % соответственно. При оценке ожидаемой частоты встречаемости генотипов по гену бета-лактоглобулина (BLG) было установлено, что она значительно отличается от фактической и указывает на сильное давление на данный ген.

Подобное давление на ген может трактоваться как усиленная селекционная работа в направлении повышения молочной продуктивности животных, в частности удоя.

Заключение. Таким образом, оценка генетической структуры коров изучаемых пород и породных групп показала, что по генам соматотропина (GH) и пролактина (PRL) наблюдалось генетическое равнове-

сие, т. е. частота встречаемости генотипов фактическая и ожидаемая практически совпала. В отношении гена диацилглицерол О-ацилтрансферазы 1 (DGAT1) результаты исследований показали, что все животные имели лишь один генотип – DGAT1^{KK}, т. е. по данному гену отсутствовал полиморфизм. В отношении гена бета-лактоглобулина (BLG) было установлено, что ожидаемая частота встречаемости генотипов значительно отличается от фактической и может указывать на нарушение генетического равновесия, что подтверждается расчетом критерия хи-квадрат (χ^2). Нарушение генетического равновесия может свидетельствовать об усиленной селекции по данному гену, характеризующему молочную продуктивность животных.

ЛИТЕРАТУРА

1. Использование групп крови при оценке быков-производителей по качеству потомств (Текст) / Э. А. Каримов [и др.] // Развитие агропромышленного комплекса: Перспективы, проблемы и пути решения / Материалы международной научно-практической конференции, посвященной 450-летию г. Астрахань. – Издательский дом «Астраханский университет». – 2008. – С. 92-94.
2. Зиннатова, Ф. Ф. Роль генов липидного обмена (DGAT1, TG5) в улучшении хозяйственно-полезных признаков крупного рогатого скота / Ф. Ф. Зиннатова, Ф. Ф. Зиннатов // Ученые записки Казанской государственной академии ветеринарной медицины им. Н. Э. Баумана. – 2014. – Т. 219. – С. 164-168.
3. Маниатис, Т. Молекулярное клонирование / Т. Маниатис, Э. Фрич, Дж. Сэмбрук. – М.: «Мир», 1984 – 480 с.
4. Меркурьева, Е. К. Биометрия в селекции и генетике / Е. К. Меркурьева. – М.: Колос, 1970. – 423 с.
5. Меркурьева, Е. К. Генетика с основами биометрии / Е. К. Меркурьева, Г. Н. Шангин-Березовский. – М.: Колос, 1983. – 400 с.
6. Взаимосвязь полиморфных вариантов генов пролактина, гормона роста и каппа-казеина с молочной продуктивностью коров ярославской породы / Д. К. Некрасов [и др.] // Аграрный вестник Верхневолжья. – 2017. – № 1 (18). – С. 40-48.
7. Плохинский, Н. А. Биометрия / Н. А. Плохинский. – М.: АН СССР, 1969. – 360 с.
8. Positional candidate cloning of a QTL in dairy cattle: identification of a missense mutation in the bovine DGAT1 gene with major effect on milk yield and composition / B. Grisart [et.al.] // Genome Research. – 2002. V. 12(2). – P. 222-231.