

Н. А. Плохинский. – М. : АН СССР, 1969. – 360 с. 5. Шамсиева, Л. В. Ветеринарно-гигиеническое обоснование продуктивных качеств коров на фоне генетических факторов / Л. В. Шамсиева. – Казань. – 2018. – 135 с. 6. Шейко, И. П. Перспективы научной и инновационной деятельности в животноводстве Беларуси / И. П. Шейко // Вес. Нац. акад. наук Беларуси. Сер. аграр. наук. – 2018. – Т. 56, №2. – С. 188-199. 7. Dhundwal, K. Characterization and validation of point mutation in MBL1 gene and its relationship with mastitis in murrh buffalo (*bubalus bubalis*) / Dhundwal K. [et. al.] // Buffalo Bulletin. – 2019. – Vol. 38, №3. – P. 451-457. 8. El-Domany, W. B. Genetic Polymorphisms in LTF/Eco RI and TLR4/Alu I loci as candidates for milk and reproductive performance assessment in Holstein cattle / W. B El-Domany [et al.] // Reproduction in Domestic Animals. – 2019. – Vol.54, iss.4. – P. 678-686. 9. Karthikeyan, A. Genetic basis of mastitis resistance in cattle / A. Karthikeyan [et al.] // International Journal of Science, Environment and Technology. – 2016. – Vol.5, № 4. – P. 2192-2199. 10. Maletić, M. Analysis of lactoferrin gene polymorphism and its association to milk quality and mammary gland health in holstein-friesian cows / M. Maletić, V. Slobodanka [et al.] // Acta Veterinaria (Beograd). – 2013. – №5-6. – P. 487-498. 11. Nancy Rodríguez Colorado. Effect of the polymorphism in the intron 6 of the bovine ltf gene with some diseases of high incidence in dairy production/Nancy Rodríguez Colorado, A. López Herrera, J. Echeverri Zuluaga // Rev.Fac.Nal.Agr.Medellín. – 2012. – Vol.65(1). – P.6439-6445. 12. Sharifzadeh, A. Study of lactoferrin gene polymorphism in Iranian Holstein cattle using PCR-RFLP technique / A. Sharifzadeh, A. Doosti // Global Veterinaria. – 2011. – № 6(6). – P. 530-536. 13. Zabolewicz, T. Association of polymorphism within LTF gene promoter with lactoferrin concentration in milk of Holstein cows / T. Zabolewicz, M. Barcewicz [et al.] // Polish Journal of Veterinary Sciences. – 2014. – Vol.17, №4. – P. 633-641.

УДК: 636.2

## ПОЛИМОРФИЗМЫ МАРКЕРНЫХ ГЕНОВ LEPR, GHR, PRLR У РАЗЛИЧНЫХ ПОРОД МОЛОЧНОГО СКОТА

Скачкова О.А., Бригида А.В.

Институт инновационных биотехнологий в животноводстве (ИИБЖ) – филиал Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста» г. Москва, Россия

*Прогнозирование молочной продуктивности животных на ранних стадиях развития позволяет избежать неоправданных расходов на содержание малопродуктивных особей. В экспериментальных исследованиях о влиянии различных генов на молочную продуктивность крупного рогатого скота, обнаружено, что полиморфизмы ряда маркерных генов-кандидатов, таких как LEPR, GHR, PRLR, содержат SNP, которые коррелируют с увеличением молочной продуктивности. В связи с этим, целью данной работы являлось выявление информации о полиморфизмах маркерных генов LEPR, GHR, PRLR у различных пород молочного скота, в том числе у российских аборигенных пород, что имеет важное значение в программах селективного разведения крупного рогатого скота в Российской Федерации. **Ключевые слова:** однонуклеотидный полиморфизм, ген-кандидат, молочный скот.*

## POLYMORPHISMS OF MARKER GENES LEPR, GHR, PRLR IN VARIOUS BREEDS OF DAIRY CATTLE

Skachkova O. A., Brigida A. V.

Institution of innovative biotechnology in animal husbandry (IIBZH) – a branch of the Federal State Budgetary Scientific Institution “Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member L.K. Ernst”, Moscow, Russia.

*A prediction of the milk production of animals in the early stages of their development allows to avoid unjustified expenses for the maintenance of unproductive individuals. In experimental studies about the influence of various genes on the milk production of cattle, it was found that polymorphisms of a number of candidate marker genes, such as LEPR, GHR, PRLR, contain SNPs that correlate with an increase of milk production. Due to this, the purpose of this work was to identify some information about the polymorphisms of marker genes LEPR, GHR, PRLR in various breeds of dairy cattle, including Russian aboriginal breeds, which is important in programs for selective breeding of cattle in the Russian Federation. **Keywords:** single nucleotide polymorphism, candidate gene, dairy cattle.*

**Введение.** Растущий интерес к применению геномной селекции как важного элемента в стратегиях развития молочного скотоводства диктует необходимость прогнозирования признаков молочной продуктивности по нескольким или множеству генов, в том числе, таких как LEPR, GHR, PRLR, что считается более надежным, чем по одному гену или SNP (однонуклеотидный полиморфизм). На сегодняшний день знания о полиморфизмах этих генов, влияющих на продуцирование молока, являются недостаточными и пока еще не применимыми в практической деятельности хозяйств [1].

**Ассоциации между полиморфизмами маркерных генов LEPR, GHR, PRLR и молочной продуктивностью у различных пород молочного скота.** Показано, что ген рецептора лептина LEPR, посредством которого передается большая часть сигналов от гена лептина (LEP), играет важную роль в развитии молочной железы и лактогенезе [2]. Выявлено возможное влияние некоторых полиморфизмов гена LEPR на изменение содержания молочного жира (LEPR03), белка (LEPR01), на содержание и жира и белка (два SNP: LEPR09 и LEPR16) у коров голштинской породы [3]. Известны данные о влиянии аминокислотной замены треонин → метионин во внутриклеточном домене LEPR (LEPR-T945M), что рассматривается причинной мутацией, лежащей в основе QTL, влияющей на выход жира, картированной в непосредственной близости от гена LEPR у коров породы джерси, у шведских красных коров, а также у британской, польской и шведской пород голштинского скота [4]. В исследовании A.Trakovická et al., 2013, проведенных на коровах породы Slovak Spotted и Pinzgau, также показана ассоциативная связь между LEPR-T945M и удоем, содержанием жира и белка, статистически значимая в период интервала между отелами [5].

Ген рецептора гормона роста (GHR), идентифицированный как ген-кандидат, влияющий на продуцирование молока и его качество, связывает во многих типах клеток гормон роста, вырабатываемый в гипофизе и секретируемый в кровоток, что вызывает выработку инсулиноподобного фактора роста-1 (IGF-1). С признаками продуктивности молока были связаны полиморфизмы в гене GHR, обнаруженные на хромосоме BTA20, у быков итальянской голштино-фризской породы [6]. Исследуемая мутация в локусе GHR у коров голштинской породы, выращенной в Центре исследования молочного скота Лангхилла в Шотландии, включала замену тимина на основание аденина, что свидетельствовало о положительном влиянии аденина на суточную продуктивность молока [7].

Важным геном-кандидатом, ассоциированным с удоем, является ген PRLR. Этот ген, связываясь с пролактином (PRL) – полипептидным гормоном, секретируемым в основном передней долей гипофиза и участвующим во многих эндокринных процессах, оказывает значительное физиологическое воздействие на лактацию [8]. В исследовании Hernández-Cordero с соавт., 2017, проведенном в Мексике на голштинских коровах, было показано, что SNP rs135164815 в гене PRLR, связанный с удоем, был локализован в экзоне 2 в позиции 39,1 Мб на BTA20 [9].

Поскольку гены, влияющие на признаки молочной продуктивности, вовлечены во многие физиологические процессы, по мнению исследователей, существует необходимость проверки надежности экспериментально установленных взаимосвязей между полиморфизмами генов LEPR, PRLR, GHR и молочной продуктивностью на большем количестве особей в эталонной и референтной популяциях крупного рогатого скота.

**Заключение.** Установлено, что полиморфизмы генов LEPR, PRLR, GHR, ассоциированные с молочной продуктивностью, могут являться потенциальными ДНК-маркерами для ряда зарубежных пород, разводимых в зарубежных странах, в отношении которых они были изучены. Однако не найдена информация об аналогичных исследованиях для аборигенных пород, разводимых в Российской Федерации, таких как холмогорская, ярославская, костромская, красная горбатовская, красная степная, якутская и другие, обладающих в сравнении с импортным поголовьем высоким адаптивным потенциалом в условиях повышающегося экологического загрязнения окружающей среды. Необходимы дальнейшие исследования по изучению этих генов у молочного скота аборигенных российских пород, что может улучшить генетический отбор в программах разведения животных.

**Литература.** 1. Xiang, R. Genome variants associated with RNA splicing variations in bovine are extensively shared between tissues / R. Xiang, B. J. Hayes, C. J. Vander Jagt. // *BMC Genomics*. – 2018. – № 19. – P. 521. DOI: 10.1186/s12864-018-4902-8. 2. Giblin, L. Association of bovine leptin polymorphisms with energy output and energy storage traits in progeny tested Holstein-Friesian dairy cattle sires / L. Giblin, S. T. Butler, B. M. Kearney // *BMC Genet*. – 2010. – № 11. – P.73. DOI: 10.1186/1471-2156-11-73. 3. De Matteis, G. Association analyses of single nucleotide polymorphisms in the leptin and leptin receptor genes on milk and morphological traits in Holstein cows / G. De Matteis, M. C. Scatà, F. Grandoni, et al. // *Journal of Animal Sciences*. – 2012. – № 3(2). – P. 174-182. DOI:10.4236/ojas.2012.23024. 4. Soltani-Ghombavani, M. Effect of polymorphisms in the ABCG2, LEPR and SCD1 genes on milk production traits in Holstein cows / M. Soltani-Ghombavani, S. Ansari-Mahyari, M. Rostami // *South African Journal of Animal Science*. – 2016. – № 2(46). – P. 196-203. DOI:10.4314/sajas.v46i2.11. 5. Trakovická, A. Genetic polymorphisms of leptin and leptin receptor genes in relation with production and reproduction traits in cattle / A. Trakovická, N. Moravčíková, R. Kasarda // *Acta Biochim Pol*. – 2013. – № 60(4). – P. 783-787. 6. Falaki, M. Relationships of polymorphisms for growth hormone and growth hormone receptor genes with milk production traits for Italian Holstein-Friesian bulls / M. Falaki, N. Gengler, M. Sneyers // *J. Dairy Sci*. – 1996. – № 79. – P. 1446-1453. 7. Banos, G. Impact of single nucleotide polymorphisms in leptin, leptin receptor, growth hormone receptor, and diacylglycerol acyltransferase (DGAT1) gene loci on milk production, feed, and body energy traits of UK dairy cows / G. Banos, J.A. Woolliams, B.W. Woodward, et al. // *J Dairy Sci*. – 2008. – № 91(8). – P. 3190-200. DOI:10.3168/jds.2007-0930. 8. Uddin, R. M. Genetic analysis of prolactin gene in Pakistani cattle / R. M. Uddin, M. E. Babar, A. Nadeem // *Mol Biol Rep*. – 2013. – №40. – P. 5685–5689. DOI:10.1007/s11033-013-2670-8. 9. Hernández-Cordero, A.I. Genotypes within the prolactin and growth hormone insulin-like growth factor-I pathways associated with milk production in heat stressed Holstein cattle: Genotypes and milk yield in heat stressed Holstein cows / A. I. Hernández-Cordero, M. A. Sánchez-Castro, R. Zamorano-Algandar, et al. // *Genet.Mol.Res*. – 2017. – № 16(4). – P.gmr16039821.

УДК 636.4.082.43

## ВЗАИМОСВЯЗЬ ГЕНА РЕЦЕПТОРА МЕЛАНКОРТИНА MC4R С ОТКОРМОЧНЫМИ И МЯСНЫМИ КАЧЕСТВАМИ МОЛОДНЯКА СВИНЕЙ УНИВЕРСАЛЬНОГО НАПРАВЛЕНИЯ ПРОДУКТИВНОСТИ

**Халак В.И.**

Государственное учреждение Институт зерновых культур НААН, г. Днепр, Украина

*В работе приведены результаты исследований откормочных и мясных качеств молодняка свиней крупной белой породы разных генотипов по гену рецептора меланокортина MC4R. Установлено, что максимальными показателями указанных групп признаков характеризуются животные генотипа MC4R<sup>AG</sup>. **Ключевые слова:** молодняк свиней, ген, порода, откормочные и мясные качества.*

## RELATIONSHIP OF THE MELANOCORTIN MC4R RECEPTOR GENE WITH THE FEEDING AND MEAT QUALITIES OF YOUNG PIGS OF UNIVERSAL PRODUCTIVITY

**Khalak V.I.**

State Institution Institute of Grain Crops of the NAAS, Dnipro, Ukraine

*The paper presents the results of studies of the fattening and meat qualities of young pigs of large white breed of different genotypes for the gene MC4R melanocortin receptor. It was found that animals of the MC4R<sup>AG</sup> genotype are characterized by the maximum indicators of the indicated groups of traits. **Keywords:** young pigs, gene, breed, fattening and meat qualities.*

**Введение.** Исследования отечественных и зарубежных ученых свидетельствуют об эффективности использования в селекции сельскохозяйственных животных ДНК-маркеров. Установлено, что они ассоциированы с воспроизводительными качествами свиноматок и хряков-производителей, откормочными и мясными качествами их потомства. В связи с интенсификацией селекционного процесса, который предусматривает использование свиней зарубежной селекции вопрос ДНК-типирования животных остается актуальным и перспективным для дальнейших исследований [1-4].