

– P. 21484–21489. – doi:10.1074/jbc.271.35.21484 14. *Rapid communication: a novel DNA polymorphism of the bovine calpain gene detected by PCR-RFLP analysis* / H. M. Zhang, S. K. DeNise, R. L. Ax [et al.] // *J Anim Sci.* – 1996. – Jun;74(6). – P.1441. – DOI: 10.2527/1996.7461441x. 15. *Effects of polymorphism of growth hormone (GH), Pit-1, and leptin (LEP) genes, cow's age, lactation stage and somatic cell count on milk yield and composition of Polish Black-and-White cows* / Zwierchowski, Lech & Krzyzewski, J. & Strzalkowska [et al.] // *Animal Science Papers and Reports.* – 2002. – 20. – P. 213–227.

Поступила в редакцию 18.10.2024.

DOI 10.52368/2078-0109-2024-60-4-86-96

УДК 636.2.082.2:636.034(476)

ВЗАИМОСВЯЗЬ КОМПЛЕКСНЫХ ГЕНОТИПОВ ГЕНОВ *DGAT1*, *GH*, *PRL* И *BLG* С ПОКАЗАТЕЛЯМИ МОЛОЧНОЙ ПРОДУКТИВНОСТИ КОРОВ БЕЛОРУССКОЙ ЧЕРНО-ПЕСТРОЙ ПОРОДЫ

Михалюк А.Н. ORCID ID 0000-0001-6110-264X, Танана Л.А. ORCID ID 0000-0002-0631-6116
УО «Гродненский государственный аграрный университет», г. Гродно, Республика Беларусь

*При оценке ассоциированного влияния комплексов генотипов генов *DGAT1*, *GH*, *PRL* и *BLG* на показатели молочной продуктивности коров белорусской черно-пестрой породы установлено, что по массовой доле жира и количеству молочного жира в молоке в большинстве случаев наиболее высокие показатели имели животные с комплексом генотипов генов *DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{AB}*. Установлено, что у животных всех комплексов генотипов генов по трем лактациям были выявлены средняя и высокая положительные корреляционные связи между удоем и количеством молочного жира в молоке, удоем и количеством молочного белка в молоке, а также между количеством молочного жира и количеством молочного белка в молоке. Что касается взаимосвязи между другими показателями молочной продуктивности, в частности, между удоем и жирномолочностью, удоем и белковомолочностью, а также между жирномолочностью и белковомолочностью, то корреляционные связи изменялись в зависимости от комплекса генотипов и номера лактации и варьировали от высоких положительных до высоких отрицательных значений ($r=0,80 \dots -0,83$). **Ключевые слова:** крупный рогатый скот, комплексные генотипы генов диацилглицерол О-ацил трансферазы 1 (*DGAT1*), соматотропина (*GH*), пролактина (*PRL*) и бета-лактоглобулина (*BLG*), молочная продуктивность.*

RELATIONSHIP OF COMPLEX GENOTYPES FOR *DGAT1*, *GH*, *PRL* AND *BLG* GENES WITH INDICATORS OF MILK PERFORMANCE IN BELARUSIAN BLACK-AND-WHITE COWS

Mikhaljuk A.N., Tanana L.A.

Grodno State Agricultural University Grodno, Republic of Belarus

*When assessing the associated effect of the genotype complex for the *DGAT1*, *GH*, *PRL* and *BLG* genes in terms of milk performance indicators in cows of the Belarusian black-and-white breed, it was found that by weight and the amount of milk fat in milk, in most cases, the highest indicators were obtained with the complex of genotypes for the *DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{AB}* genes. It was found that in animals of all gene genotype complexes over three lactations, medium and high positive correlations were identified between milk yield and the amount of milk fat in milk, milk yield and the amount of milk protein in milk, as well as between the amount of milk fat and the amount of milk protein in milk. As for the relationship between other indicators of milk productivity, in particular, between milk yield and fat percentage, milk yield and protein percentage, as well as between fat percentage and protein percentage, the correlations varied depending on the complex of genotypes and lactation number, and ranged from high positive to high negative values ($r=0.80 \dots -0.83$). **Keywords:** cattle, complex genotypes of diacylglycerol O-acyl transferase 1 (*DGAT1*), somatotropin (*GH*), prolactin (*PRL*) and beta-lactoglobulin (*BLG*) genes, milk performance.*

Введение. За последние годы накопился значительный массив данных об эффективности использования молекулярно-генетических маркеров для решения многих задач генетики, сохранения биологического разнообразия, картирования хромосом, а также для совершенствования скота по хозяйственно-полезным признакам (жирномолочности, белковомолочности и др.) [1]. Проблема получения эффективных маркеров по хозяйственно полезным признакам обусловлена полигенностью количественных признаков и их низким уровнем наследуемости. Это означает, что их количественный уровень генетически определяется различными аллельными вариантами целого ряда локусов, разбросанных по всему геному [2, 3, 4]. Вместе с тем для совершенствования наиболее важных хозяйственно полезных признаков рекомендуется маркировать один и тот же признак по нескольким генам. Комплексное маркирование позволяет более эффективно проводить селекционную работу, что способствует повышению уровня молочной продуктивности крупного рогатого скота [5, 6]. Однако комплексное влияние генов на хозяйственно полезные признаки крупного рогатого скота еще не достаточно изучено.

В этой связи **целью** данной работы явилось изучение взаимосвязи комплексных генотипов генов *DGAT1*, *GH*, *PRL* и *BLG* с показателями молочной продуктивности коров белорусской черно-пестрой породы.

Материалы и методы исследований. Исследования проводились на базе молочно-товарной фермы «Новый двор» УСП «Новый Двор-Агро» Свислочского района Гродненской области (Республика Беларусь). Для исследования использовали биологический материал (ушной выщип) от коров белорусской черно-пестрой породы в количестве 105 проб. Для оценки аллелофонда животных использовали данные продуктивности исследуемых животных по трем лактациям. Племенные карточки животных были предоставлены компьютерной группой по обработке и анализу данных племенного учета РУСП «Гродненское племпредприятие».

ДНК-генотипирование животных по генам диацилглицерол О-ацил трансферазы 1 (*DGAT1*), соматотропина (*GH*), пролактина (*PRL*) и бета-лактоглобулина (*BLG*) проводили с использованием метода полимеразной цепной реакции (ПЦР) и полиморфизма длин рестриционных фрагментов (ПДРФ). Ядерную ДНК выделяли перхлоратным методом. Основные растворы для выделения ДНК готовили по Т. Маниатису, Э. Фрич, Дж.Сэмбруку [7], а для амплификации и рестрикции использовали растворы производства ОДО «Праймтех», Беларусь.

В таблице 1 приведен состав реакционной смеси для проведения амплификации исследуемых локусов генов диацилглицерол О-ацил трансферазы 1 (*DGAT1*), соматотропина (*GH*), пролактина (*PRL*) и бета-лактоглобулина (*BLG*).

Таблица 1 – Состав реакционной смеси для проведения амплификации исследуемых локусов генов *DGAT1*, *GH*, *PRL* и *BLG*

Компоненты	Количество реагентов 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 2500 ед, Евроген, PK113L	0,5-1,5 е.а.
ДНК	200-250 нг/мкл
H ₂ O	доводим до 25 мкл

Для амплификации участка гена *DGAT1* использовали праймеры [13]:

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

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

Условия проведения ПЦР *DGAT1*: 94°C, 5 мин.; 30 циклов – 94°C, 30 с.; 59°C, 40 с.; 72°C, 40 с.; достройка или финальная элонгация – 72°C, 7 мин. Наличие ПЦР-фрагмента оценивали электрофоретическим методом в 2% агарозном геле при напряжении 120 W, 50-60 мин. Длина амплифицированного фрагмента гена *DGAT1* составила 411 п.н. Для рестрикции амплифицированного локуса гена *DGAT1* применяли эндонуклеазу Aco I. Реакцию проводили при температуре 37°C. Продукты рестрикции генов разделяли электрофоретически в 3% агарозном геле при напряжении 130 W, 50-60 мин., в 1×TBE буфере. Визуализацию фрагментов проводили при УФ-свете на системе геледокументирования Gel Doc RX+(BIORAD) с использованием бромистого этидия. При расщеплении продуктов амплификации гена *DGAT1* идентифицировался генотип: *DGAT1*^{KK} – фрагмент 411 п.н. (рисунок 1).

Для амплификации участка гена *GH* использовали праймеры [12]:

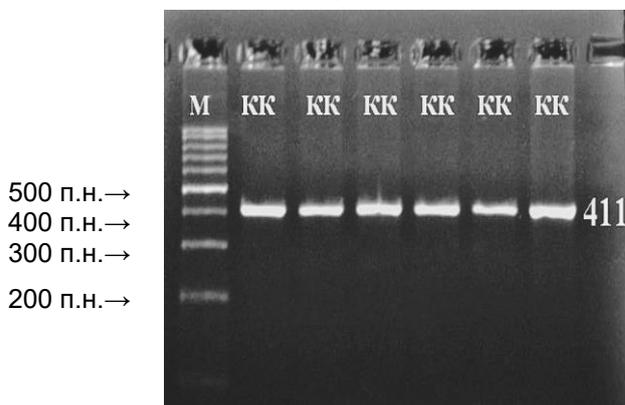


Рисунок 1 – Электрофореграмма рестриционного анализа гена *DGAT1*

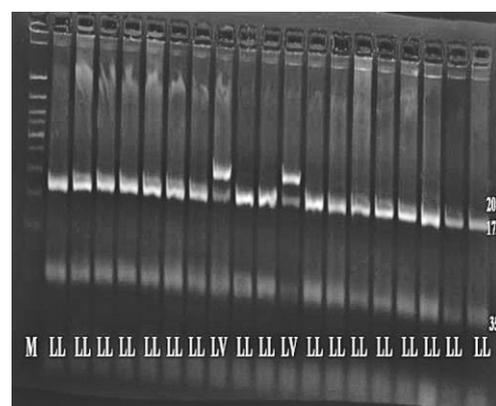


Рисунок 2 – Электрофореграмма рестриционного анализа гена *GH*

Обозначения: М – маркер молекулярного веса 200 – 500 п.н. (ОДО «Праймтех», Беларусь).

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

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

Условия проведения ПЦР *GH*: 94°C, 4 мин.; 35 циклов – 94°C, 45 с.; 65°C, 45 с.; 72°C, 45 с.; достройка или финальная элонгация – 72°C, 7 мин. Наличие ПЦР-фрагмента оценивали электрофоретическим методом в 2% агарозном геле при напряжении 120 W, 50-60 мин. Длина амплифицированного фрагмента гена *GH* составила 223 п.н. Для рестрикции амплифицированного участка гена *GH* применяли эндонуклеазу *AluI*. Реакцию проводили при температуре 37°C. Продукты рестрикции генов разделяли электрофоретически в 3% агарозном геле при напряжении 130 W, 50-60 мин, в 1×TBE буфере. Визуализацию фрагментов проводили при УФ-свете на системе гельдокументирования Gel Doc RX+(BIORAD) с использованием бромистого этидия. При расщеплении продуктов амплификации по гену *GH* идентифицировались генотипы: *GH^{LL}* – 208 п.н.; *GH^{LV}* – 208/172/35 п.н.; *GH^{VV}* – 172/35 п.н. (рисунок 2). Для амплификации участка гена *BLG* использовали праймеры [11]:

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'

Условия проведения ПЦР *BLG*: 94°C, 5 мин.; 30 циклов – 94°C, 30 сек.; 59°C, 40 сек.; 72°C, 20 сек; элонгация – 72°C, 3 мин. Наличие ПЦР-фрагмента оценивали электрофоретическим методом в 2% агарозном геле при напряжении 120 W, 50-60 мин. Длина фрагмента гена *BLG* – 247 п.н. Для рестрикции амплифицированного участка гена *BLG* применяли эндонуклеазу *BsuRI* (*Hae* III). Реакцию проводили при температуре 37°C. Для амплификации участка гена *PRL* использовали праймеры [14]:

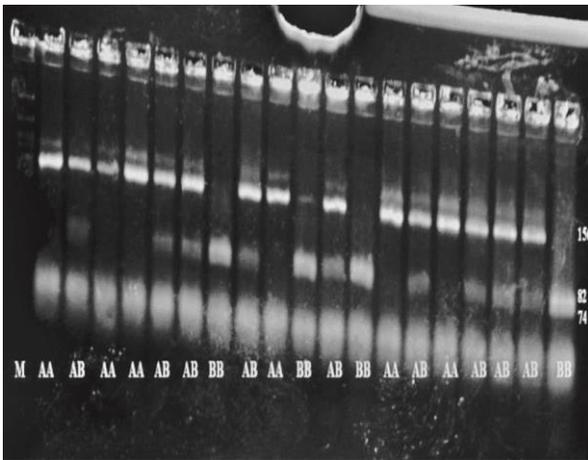


Рисунок 3 – Электрофореграмма рестрикционного анализа гена *PRL*

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

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

Условия проведения ПЦР *PRL*: 94°C, 4 мин.; 35 циклов – 94°C, 45 с.; 65°C, 45 с.; 72°C, 45 с.; элонгация – 72°C, 7 мин. Наличие ПЦР-фрагмента оценивали электрофоретическим методом в 2% агарозном геле при напряжении 120 W, 50-60 мин. Длина амплифицированного фрагмента гена *PRL* – 156 п.н. Для рестрикции амплифицированного участка гена *PRL* применяли эндонуклеазу *Rsa* I. Реакцию проводили при температуре 37°C. Продукты рестрикции генов разделяли электрофоретически в 3% агарозном геле при напряжении 130 W, 50-60 мин., в 1×TBE буфере. Визуализацию фрагментов проводили при УФ-свете на системе гельдокументирования Gel Doc RX+(BIORAD) 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 3). Продукты рестрикции генов разделяли электрофоретически в 3% агарозном геле при напряжении 130 В, 50-60 мин, в 1×TBE буфере. Визуализацию фрагментов проводили при УФ-свете на системе гельдокументирования 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 4).

Частота встречаемости аллелей по генам диацилглицерол О-ацил трансферазы 1 (*DGAT1*), пролактина (*PRL*), бета-лактоглобулина (*BLG*) и соматотропина (*GH*) рассчитана по

формулам по Е.К. Меркурьевой [8]. Для оценки генетического равновесия в популяции по изучаемым генам определяли критерий хи-квадрат (χ^2), или критерий Пирсона [9].

Для изучения молочной продуктивности подопытные животные белорусской черно-пестрой породы 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 животных, 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 или укороченную лактацию.

Статистическую обработку полученных данных проводили методами биологической статистики в описании Н.А. Плохинского [10], используя при этом компьютерную программу Microsoft Excel. Достоверными считались различия при уровне значимости * – $P < 0,05$; ** – $P < 0,01$.

Результаты исследований. Соотношение первотелок белорусской черно-пестрой породы с выявленными комбинациями генотипов генов *DGAT1*, *GH*, *PRL* и *BLG* представлено на рисунке 5.

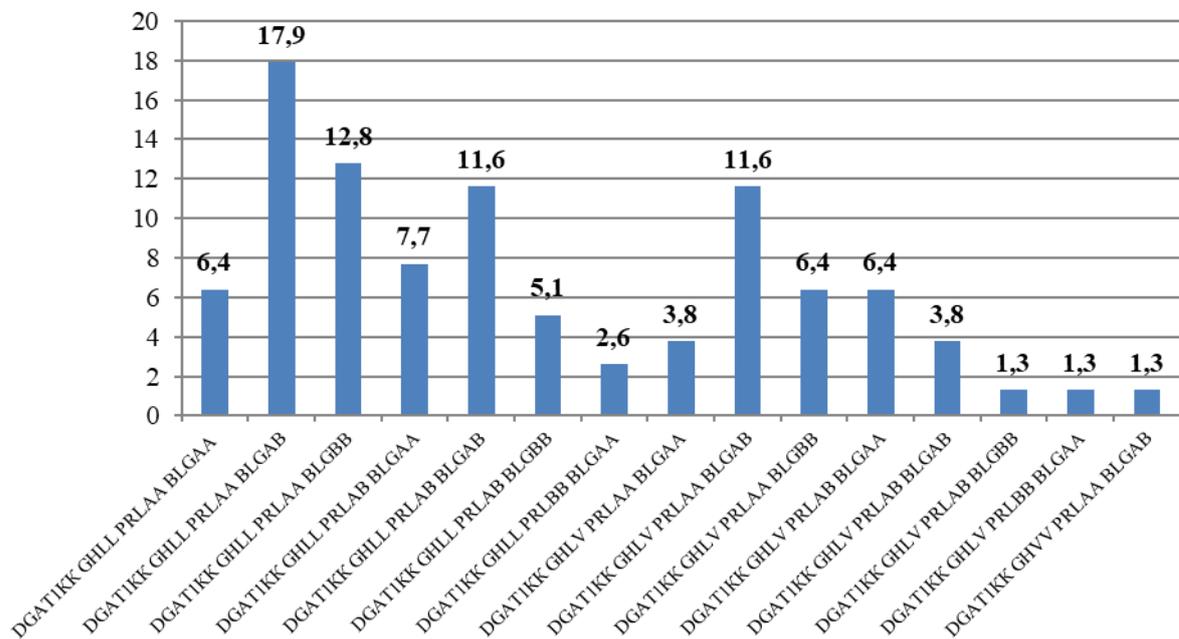


Рисунок 5 – Соотношение первотелок белорусской черно-пестрой породы с выявленными комбинациями генотипов генов *DGAT1*, *GH*, *PRL* и *BLG*

Установлено, что всего было выявлено 15 комплексов генотипов из 27 возможных комбинаций. Из всех протестированных первотелок наибольшее количество животных имело комплекс генотипов генов *DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{AB}* – 17,9% (14 голов). 12,8% животных, или 10 голов, имели комбинацию генотипов генов *DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{BB}*, у 9 голов, или 11,6% особей, выявлены сочетания генотипов генов *DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AB}BLG^{AB}* и *DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{AA}BLG^{AB}* соответственно, 6 животных, или 7,7%, имели комплекс полиморфных вариантов генов *DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AB}BLG^{AA}*, еще у 5 первотелок, или 6,4% животных, имелись комбинации генотипов генов *DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{AA}*, *DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{AA}BLG^{BB}* и *DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{AB}BLG^{AA}* соответственно, у 3 голов, или 3,8% первотелок, имелись сочетания генотипов генов *DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{AA}BLG^{AA}* и *DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{AB}BLG^{AB}*, а комплексы генотипов генов *DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{AB}BLG^{BB}*, *DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{BB}BLG^{AA}* и *DGAT1^{KK}GH^{VV}PRL^{AA}BLG^{AB}* выявлены у 1 животного. Соотношение коров белорусской черно-пестрой породы второй лактации с выявленными комбинациями генотипов генов *DGAT1*, *GH*, *PRL* и *BLG* представлено на рисунке 6.

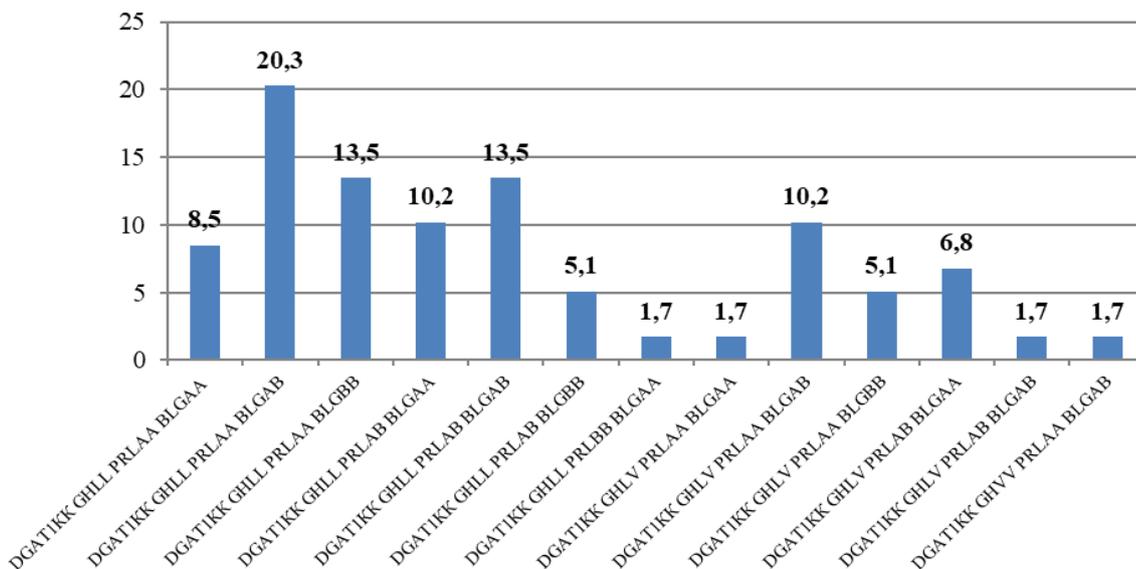


Рисунок 6 – Соотношение коров белорусской черно-пестрой породы второй лактации с выявленными комбинациями генотипов генов *DGAT1*, *GH*, *PRL* и *BLG*

Полученные данные свидетельствуют о том, что всего было выявлено 13 генотипов из 27 возможных комбинаций. Так же как и в случае с первотелками, наибольшее количество из всех протестированных животных имели комплекс генотипов генов *DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{AB}* – 20,3% (12 голов). При этом другие комбинации генотипов были распределены следующим образом: у 8 голов (или 13,5%) животных были выявлены комплексы генотипов генов *DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{BB}* и *DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AB}BLG^{AB}* соответственно, еще у 6 голов (10,2%) имелись сочетания генотипов генов *DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AB}BLG^{AA}* и *DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{AA}BLG^{AB}*, 5 коров, или 8,5%, имели комплекс полиморфных вариантов генов *DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{AA}*, 6,8% животных, или 4 головы, имели комбинацию генотипов генов *DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{AB}BLG^{AA}*, у 3 особей (5,1 %) имелись комплексы генотипов генов *DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AB}BLG^{BB}* и *DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{AA}BLG^{BB}*, а сочетания генотипов генов *DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{BB}BLG^{AA}*, *DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{AA}BLG^{AA}*, *DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{AB}BLG^{AB}* и *DGAT1^{KK}GH^{VV}PRL^{AA}BLG^{AB}* имелись у 1 животного. Соотношение коров белорусской черно-пестрой породы третьей лактации с выявленными комбинациями генотипов генов *DGAT1*, *GH*, *PRL* и *BLG* представлено на рисунке 7.

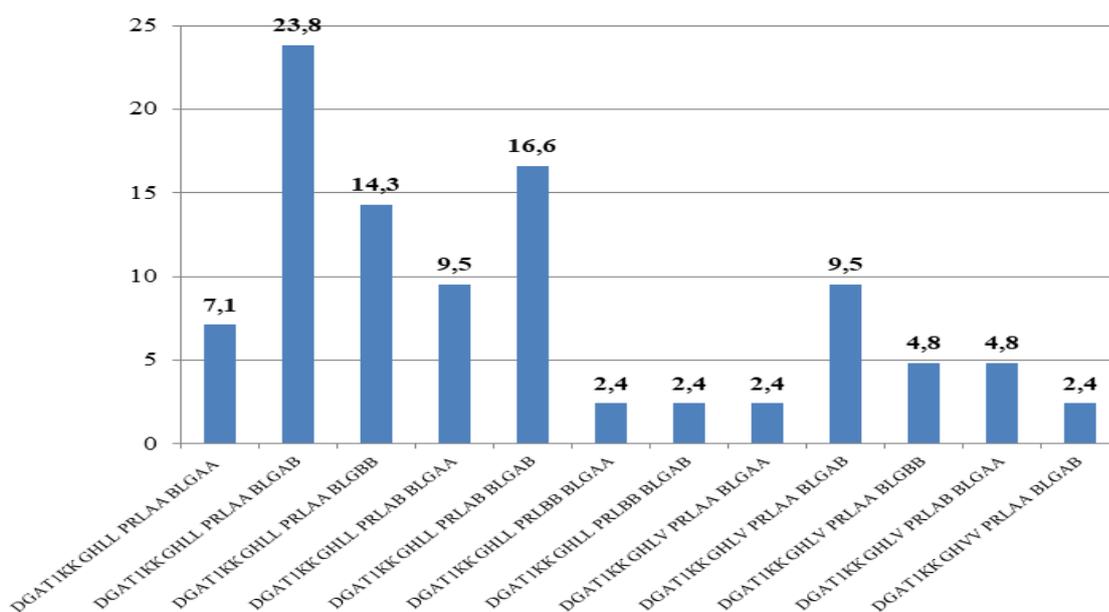


Рисунок 7 – Соотношение коров белорусской черно-пестрой породы третьей лактации с выявленными комбинациями генотипов генов *DGAT1*, *GH*, *PRL* и *BLG*

Анализируя полученные данные, можно отметить, что общее количество выявленных генотипов – 12. Так же как и у первотелок, и коров второй лактации, наибольшее количество из всех протестированных животных третьей лактации имели комплекс генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{AB}$ – 23,8% (10 голов), 16,6% особей, или 7 голов, имели комбинацию генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AB}BLG^{AB}$, 6 коров, или 14,3% животных, имели сочетание генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{BB}$, у 4 голов, или 9,5% коров, выявлены комплексы генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AB}BLG^{AA}$ и $DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{AA}BLG^{AB}$ соответственно, 3 коровы, или 7,1% животных, имели комплекс полиморфных вариантов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{AA}$, еще у 2 голов, или 4,8% животных, были выявлены комбинации генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{AA}BLG^{BB}$ и $DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{AB}BLG^{AA}$, сочетания генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{BB}BLG^{AA}$, $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{BB}BLG^{AB}$, $DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{AA}BLG^{AA}$ и $DGAT1^{KK}GH^{VV}PRL^{AA}BLG^{AB}$ соответственно были представлены у 1 животного.

Так же как и в случае с животными красной белорусской породной группы, было отмечено, что к третьей лактации почти половина протестированных особей выбыла из основного стада. Основными причинами выбытия являлись маститы (67%), эндометриты (10%), болезни конечностей (17%), внутреннее незаразные заболевания (кетозы) (6%). Для оценки ассоциированного влияния комплексных генотипов по генам диацилглицерол О-ацил трансферазы 1 ($DGAT1$), соматотропина (GH), пролактина (PRL) и бета-лактоглобулина (BLG) на показатели молочной продуктивности коров белорусской черно-пестрой породы минимальная выборка составила 5 голов.

В таблице 2 приведены показатели молочной продуктивности коров белорусской черно-пестрой породы с комплексными генотипами по $DGAT1$, GH , PRL и BLG . Анализ полученных данных свидетельствует о том, что наиболее высокий удой был у первотелок белорусской черно-пестрой породы с комплексом генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{AA}BLG^{AB}$ – 6248,56±248,84 кг, у животных с сочетанием генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{AB}$ – 6171,21±279,89 кг. Первотелки с указанными выше комплексами генотипов превосходили своих сверстниц, имеющих самый низкий удой – 5207,80±246,87 кг (комплекс генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{AB}BLG^{AA}$) на 19,9% ($P<0,01$) и на 18,4% ($P<0,01$) соответственно. Удой особей с другими комбинациями генотипов генов составил: $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{AA}$ – 5917,20±243,45 кг, $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{BB}$ – 5998,30±244,84 кг, $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AB}BLG^{AA}$ – 5989,00±202,49 кг, $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AB}BLG^{AB}$ – 5978,67 ± 240,78 кг, $DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{AA}BLG^{BB}$ – 5807,40 ± 241,43 кг. По этому показателю они превосходили первотелок с комплексом полиморфных вариантов генов $DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{AB}BLG^{AA}$ на 13,6% ($P<0,01$), на 15,1% ($P<0,01$), на 15,0% ($P<0,01$), 14,8% ($P<0,01$) и на 11,5% ($P<0,05$) соответственно. По массовой доле жира в молоке наиболее высокие показатели имели животные с сочетанием генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{AB}$ – 3,81±0,07% и превосходили своих сверстниц с сочетанием генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{AB}BLG^{AA}$, имеющих наиболее низкую жирномолочность – на 3,65%, или на 0,16 п.п. ($P<0,05$). У первотелок с комбинацией генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{AA}$ массовая доля жира в молоке составила 3,73±0,11%, с комплексом генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{BB}$ – 3,73±0,10%, с сочетанием генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AB}BLG^{AA}$ – 3,68±0,11%, с комплексом полиморфных вариантов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AB}BLG^{AB}$ – 3,75±0,09%, с комбинацией генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{AA}BLG^{AB}$ – 3,76±0,09% и с комплексом генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{AA}BLG^{BB}$ – 3,65±0,04%, что на 0,08 п.п., 0,08 п.п., 0,03 п.п., 0,10 п.п., 0,11 п.п. и на 0,02 п.п. выше соответственно, чем у первотелок с комбинацией генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{AB}BLG^{AA}$. Что касается массовой доли белка в молоке, то наиболее высокий показатель имели животные с сочетанием генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AB}BLG^{AA}$ и $DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{AA}BLG^{AB}$ – 3,33±0,04%, самые низкие – первотелки с комплексами генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AB}BLG^{AB}$ и $DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{AA}BLG^{BB}$ – 3,25±0,04%. У особей остальных изучаемых комплексов генотипов генов массовая доля белка в молоке находилась в интервале 3,27±0,04% ... 3,32±0,04%. По количеству молочного жира в молоке самые высокие показатели имели первотелки с комплексом генотипов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{AB}$ – 236,14±13,45 кг, что на 25,1% ($P<0,01$) выше, чем у первотелок с сочетанием генотипов $DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{AB}BLG^{AA}$, имеющих наименьший показатель – 188,80±9,02 кг. У первотелок с комбинацией генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{AA}$ количество молочного жира в молоке составило 221,70±13,98 кг, с комплексом генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{BB}$ – 223,20±11,47 кг, с сочетанием генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AB}BLG^{AA}$ – 225,50±13,06 кг, с комбинацией генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{AA}BLG^{AB}$ – 226,11±12,24 кг, с комплексом полиморфных вариантов генов $DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{AA}BLG^{AB}$ – 234,22±12,73 кг и с сочетанием генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{AA}BLG^{BB}$ – 213,40±9,98 кг, что на 17,4% ($P<0,01$), на 18,2% ($P<0,01$), на 17,8% ($P<0,01$), на 19,7% ($P<0,01$), на 24,1% ($P<0,01$) и на 13,0% ($P<0,05$) соответственно выше по сравнению с животными, имеющими комплекс генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{AB}BLG^{AA}$.

По количеству молочного белка в молоке лучшие результаты показали первотелки с комбинацией генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{AA}BLG^{AB}$ – 208,44±12,04 кг и $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{AB}$ –

202,36±10,20 кг, что на 20,7% ($P<0,01$) и на 17,2% ($P<0,01$) выше, чем у первотелок с сочетанием генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{AB}BLG^{AA}$, имеющих показатель 172,60±9,97 кг.

Таблица 2 – Ассоциация комплекса полиморфных вариантов генов $DGAT1$, GH , PRL и BLG с показателями молочной продуктивности коров белорусской черно-пестрой породы, ($M \pm m$)

№	Комплекс генотипов генов	n	Показатели				
			удой за 305 дней лактации, кг	массовая доля жира, %	количество молочного жира, кг	массовая доля белка, %	количество молочного белка, кг
Первотелки белорусской черно-пестрой породы							
1	$DGAT1^{KK}GH^{LL}$ $PRL^{AA}BLG^{AA}$	5	5917,20± 243,45**	3,73± 0,11	221,70± 13,98**	3,27± 0,08	193,00± 8,29**
2	$DGAT1^{KK}GH^{LL}$ $PRL^{AA}BLG^{AB}$	14	6171,21± 279,89**	3,81± 0,07*	236,14± 13,45**	3,27± 0,04	202,36± 10,20**
3	$DGAT1^{KK}GH^{LL}$ $PRL^{AA}BLG^{BB}$	10	5998,30± 244,84**	3,73± 0,10	223,20± 11,47**	3,28± 0,05	196,20± 7,36**
4	$DGAT1^{KK}GH^{LL}$ $PRL^{AB}BLG^{AA}$	6	5989,00± 202,49**	3,68± 0,11	222,50± 13,06**	3,33± 0,04	200,00± 11,00**
5	$DGAT1^{KK}GH^{LL}$ $PRL^{AB}BLG^{AB}$	9	5978,67± 240,78**	3,75± 0,09	226,11± 12,24**	3,25± 0,04	194,44± 12,46**
6	$DGAT1^{KK}GH^{L}$ $VPRL^{AA}BLG^{AB}$	9	6248,56± 241,10**	3,76± 0,09	234,22± 12,73**	3,33± 0,04	208,44± 12,04**
7	$DGAT1^{KK}GH^{LV}$ $PRL^{AA}BLG^{BB}$	5	5807,40± 241,43*	3,67± 0,04	213,40± 9,98*	3,25± 0,04	188,40± 7,28*
8	$DGAT1^{KK}GH^{LV}$ $PRL^{AB}BLG^{AA}$	5	5207,80± 246,87	3,65± 0,04	188,80± 9,02	3,32± 0,04	172,60± 9,97
Коровы белорусской черно-пестрой породы второй лактации							
1	$DGAT1^{KK}GH^{LL}$ $PRL^{AA}BLG^{AA}$	5	5798,40± 251,29	3,55± 0,11	206,20± 12,42	3,25± 0,04	188,60± 9,34
2	$DGAT1^{KK}GH^{L}$ $LPRL^{AA}BLG^{AB}$	12	5993,50± 200,65	3,82± 0,04**	228,42± 7,82**	3,34± 0,03	200,08± 7,41*
3	$DGAT1^{KK}GH^{LL}$ $PRL^{AA}BLG^{BB}$	8	5809,38± 226,28	3,77± 0,07*	218,63± 12,08*	3,31± 0,04	192,50± 13,74
4	$DGAT1^{KK}GH^{LL}$ $PRL^{AB}BLG^{AA}$	6	6047,83± 206,32	3,60± 0,10	217,67± 12,05*	3,31± 0,06	199,67± 10,10*
5	$DGAT1^{KK}GH^{LL}$ $PRL^{AB}BLG^{AB}$	8	5809,45± 229,64	3,73± 0,07*	216,63± 10,02*	3,32± 0,03	193,25± 8,89
6	$DGAT1^{KK}GH^{LV}$ $PRL^{AA}BLG^{AB}$	6	5885,17± 282,55	3,76± 0,07*	220,83± 12,45*	3,37± 0,05	197,33± 11,75*
Коровы белорусской черно-пестрой породы третьей лактации							
1	$DGAT1^{KK}GH^{LL}$ $PRL^{AA}BLG^{AB}$	10	5675,60± 122,84	3,89± 0,08	221,20± 7,69	3,37± 0,04	190,70± 8,53
2	$DGAT1^{KK}GH^{LL}$ $PRL^{AA}BLG^{BB}$	6	6011,33± 248,53*	3,76± 0,04	225,50± 13,94	3,33± 0,04	200,67± 12,90
3	$DGAT1^{KK}GH^{LL}$ $PRL^{AB}BLG^{AB}$	7	5759,86± 282,88	3,74± 0,07	215,00± 11,07	3,32± 0,05	191,29± 10,16

У первотелок других изучаемых комплексов генотипов количество молочного белка в молоке находилось в интервале 188,40±7,28 кг... 200,00±11,00 кг, что выше, чем у первотелок с комбинацией генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{AB}BLG^{AA}$ на 9,1% ($P<0,05$) ... 15,8% ($P<0,05$) соответственно.

При анализе показателей молочной продуктивности коров белорусской черно-пестрой породы второй лактации с комплексами генотипов генов $DGAT1$, GH , PRL и BLG было установлено, что наиболее высокие удои были у коров с комплексами полиморфных вариантов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AB}BLG^{AA}$ и $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{AB}$ – 6047,83±206,32 кг и 5993,50±200,65 кг соответственно, что на 4,3% и на 3,3% выше, чем у животных с сочетанием генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{AA}$, имеющих наименьший удой – 5798,40±251,29 кг. Особи второй лактации с сочетанием генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{BB}$ имели удой 5809,38±226,28 кг, с комплексом генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AB}BLG^{AB}$ – 5809,38±229,64 кг и комбинацией генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{AA}BLG^{AB}$ – 5885,17±282,55 кг, что на 0,2%, на 0,2% и на 1,4% вы-

ше, чем у коров с комплексом полиморфных вариантов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{AA}$. По массовой доле жира в молоке, так же как и у первотелок, наиболее высокий показатель имели животные с комплексом генотипов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{AB}$ – $3,82 \pm 0,04\%$, что на 0,27 п.п. ($P < 0,01$) выше, чем у коров с комбинацией генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{AA}$, имеющих наименьшую жирномолочность – $3,55 \pm 0,11\%$. У животных с сочетанием генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{BB}$ массовая доля жира в молоке составила $3,77 \pm 0,07\%$, с комплексом генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AB}BLG^{AA}$ – $3,60 \pm 0,10\%$, с комбинацией генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AB}BLG^{AB}$ – $3,73 \pm 0,07\%$ и с сочетанием генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{AA}BLG^{AB}$ – $3,76 \pm 0,07\%$, что на 0,22 п.п. ($P < 0,05$), на 0,05 п.п., на 0,18 п.п. ($P < 0,05$) и на 0,21 п.п. ($P < 0,05$) выше, чем у коров с комплексом генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{AA}$ соответственно. Что касается массовой доли белка в молоке, то наиболее высокий показатель имели животные с комбинацией генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{AA}BLG^{AB}$ – $3,37 \pm 0,05\%$, наиболее низкий – особи с комплексом генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{AA}$ – $3,25 \pm 0,04\%$. У животных других комплексов генотипов массовая доля белка в молоке варьировала в пределах $3,31 \pm 0,04\% \dots 3,34 \pm 0,03\%$. В отношении количества молочного жира и белка в молоке наиболее высокие результаты показали коровы, имеющие комплекс генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{AB}$ – $228,42 \pm 7,82$ кг и $200,08 \pm 7,41$ кг соответственно. По этим показателям они превосходили животных с комбинацией генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{AA}$, имеющих наиболее низкие значения – $206,20 \pm 12,42$ кг и $188,60 \pm 9,34$ кг, что на 10,8% ($P < 0,01$) и на 6,1% ($P < 0,05$) ниже соответственно. Что касается животных других комплексов генотипов, то количество молочного жира и белка в молоке у них составило: у коров с комбинацией генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{BB}$ – $218,63 \pm 12,08$ кг и $192,50 \pm 13,74$ кг, с сочетанием генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AB}BLG^{AA}$ – $217,67 \pm 12,05$ кг и $199,67 \pm 10,10$ кг, с комплексом полиморфных вариантов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AB}BLG^{AB}$ – $216,63 \pm 10,02$ кг и $193,25 \pm 8,89$ кг и с сочетанием генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{AA}BLG^{AB}$ – $220,83 \pm 12,45$ кг и $197,33 \pm 11,75$ кг соответственно.

К третьей лактации остались выборки животных по 5 голов и более трех полиморфных вариантов генов – $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{AB}$ (10 голов), $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{BB}$ (6 голов) и $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AB}BLG^{AB}$ (7 голов), другие выявленные комплексные генотипы были представлены меньшим количеством голов. При анализе показателей молочной продуктивности коров белорусской черно-пестрой породы третьей лактации с комплексами генотипов генов $DGAT1$, GH , PRL и BLG было установлено, что по удою наиболее высокий показатель имели животные с сочетанием генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{BB}$ – $6011,33 \pm 248,53$ кг, самый низкий – $5675,60 \pm 122,84$ кг – животные с комбинацией генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{AB}$, у коров с сочетанием генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AB}BLG^{AB}$ удой составил $5759,86 \pm 282,88$ кг. Вместе с тем по массовой доле жира и белка в молоке наиболее высокие показатели имели особи третьей лактации с комплексом генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{AB}$ – $3,89 \pm 0,08\%$ и $3,37 \pm 0,04\%$ соответственно. По эти показателям они превосходили своих сверстниц с комбинацией генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{BB}$ на 0,13 п.п. ($P < 0,05$) и на 0,04 п.п., а коров с комплексом генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AB}BLG^{AB}$ – на 0,15 п.п. ($P < 0,05$) и на 0,05 п.п. соответственно. По количеству молочного жира и белка в молоке наиболее высокие результаты имели животные с комплексом генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{BB}$ – $225,50 \pm 13,94$ кг и $200,67 \pm 12,90$ кг, что связано с более высоким удоем по сравнению со сверстницами. У коров с полиморфным вариантом генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{AB}$ данные показатели составили $221,20 \pm 7,69$ кг и $190,70 \pm 8,53$ кг, а у животных полиморфным вариантом генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AB}BLG^{AB}$ – $215,00 \pm 11,07$ кг и $191,29 \pm 10,16$ кг соответственно.

Таким образом, при оценке ассоциированного влияния комплексов генотипов по генам $DGAT1$, GH , PRL и BLG с показателями молочной продуктивности коров белорусской черно-пестрой породы установлено, что по массовой доле жира и количеству молочного жира в молоке, в большинстве случаев, наиболее высокие показатели имели животные с комплексом генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{AB}$.

На следующем этапе исследований нами были изучены корреляционные связи между основными показателями молочной продуктивности коров белорусской черно-пестрой породы по трем лактациям с учетом комплексов генотипов генов $DGAT1$, GH , PRL и BLG .

В таблице 3 показана корреляционная связь между основными показателями молочной продуктивности коров белорусской черно-пестрой породы по трем лактациям. Анализируя данные таблицы, можно отметить, что у первотелок белорусской черно-пестрой породы высокая положительная корреляционная связь между удоем и жирномолочностью была выявлена лишь у животных с комплексом генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{AA}$ ($r = 0,72$), средняя и низкая положительная корреляционная связь между указанными выше показателями была установлена у животных с комбинациями генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LV}PRL^{AA}BLG^{BB}$, $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AB}BLG^{AA}$ и $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AB}BLG^{AB}$, а коэффициент корреляции (r) составил 0,47, 0,23 и 0,07 соответственно.

Таблица 3 – Корреляционная связь между основными показателями молочной продуктивности белорусской черно-пестрой породы по трем лактациям, r

№	Комплекс генотипов	n	Показатели					
			удой – жирномолочность	удой – белково-молочность	жирномолочность – белково-молочность	удой – количество молочного жира	удой – количество молочного белка	количество молочного жира – количество молочного белка
Первотелки белорусской черно-пестрой породы								
1	<i>DGAT1^{KK}GH^{LL} PRL^{AA}BLG^{AA}</i>	5	0,72	-0,59	-0,66	0,97	0,82	0,72
2	<i>DGAT1^{KK}GH^{LL} PRL^{AA}BLG^{AB}</i>	14	-0,19	-0,24	0,21	0,76	0,94	0,76
3	<i>DGAT1^{KK}GH^{LL} PRL^{AA}BLG^{BB}</i>	10	-0,07	-0,13	0,47	0,83	0,97	0,88
4	<i>DGAT1^{KK}GH^{LL} PRL^{AB}BLG^{AA}</i>	6	0,23	-0,05	-0,46	0,87	0,97	0,79
5	<i>DGAT1^{KK}GH^{LL} PRL^{AB}BLG^{AB}</i>	9	0,07	0,40	-0,31	0,97	0,99	0,94
6	<i>DGAT1^{KK}GH^L VPRL^{AA}BLG^{AB}</i>	9	-0,07	-0,05	0,41	0,91	0,97	0,93
7	<i>DGAT1^{KK}GH^L PRL^{AA}BLG^{BB}</i>	5	0,47	-0,69	-0,09	0,99	0,99	0,98
8	<i>DGAT1^{KK}GH^L PRL^{AB}BLG^{AA}</i>	5	-0,49	-0,33	0,89	0,80	0,98	0,88
Коровы белорусской черно-пестрой породы второй лактации								
1	<i>DGAT1^{KK}GH^{LL} PRL^{AA}BLG^{AA}</i>	5	0,30	0,33	0,52	0,93	0,95	0,94
2	<i>DGAT1^{KK}GH^{LL} PRL^{AA}BLG^{AB}</i>	12	0,46	0,04	0,36	0,95	0,99	0,94
3	<i>DGAT1^{KK}GH^{LL} PRL^{AA}BLG^{BB}</i>	8	0,07	-0,26	0,50	0,67	0,92	0,79
4	<i>DGAT1^{KK}GH^{LL} PRL^{AB}BLG^{AA}</i>	6	-0,47	0,77	-0,17	0,93	0,99	0,94
5	<i>DGAT1^{KK}GH^{LL} PRL^{AB}BLG^{AB}</i>	8	0,35	0,16	0,52	0,92	0,98	0,94
6	<i>DGAT1^{KK}GH^L VPRL^{AA}BLG^{AB}</i>	6	0,21	0,60	0,03	0,83	0,98	0,81
Коровы белорусской черно-пестрой породы третьей лактации								
1	<i>DGAT1^{KK}GH^{LL} PRL^{AA}BLG^{AB}</i>	10	0,01	-0,83	0,39	0,67	0,97	0,80
2	<i>DGAT1^{KK}GH^{LL} PRL^{AA}BLG^{BB}</i>	6	0,49	0,80	0,80	0,97	0,99	0,98
3	<i>DGAT1^{KK}GH^{LL} PRL^{AB}BLG^{AB}</i>	7	-0,14	-0,02	0,27	0,76	0,97	0,78

У первотелок других комплексов генотипов была выявлена отрицательная корреляционная связь между удоём и жирномолочностью, а коэффициент корреляции (r) варьировал от -0,07 у животных с сочетаниями генотипов генов *DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{BB}* и *DGAT1^{KK}GH^LVPRL^{AA}BLG^{AB}* до -0,49 у первотелок с комплексом генотипов генов *DGAT1^{KK}GH^LVPRL^{AB}BLG^{AA}*. Что касается корреляционной связи между удоём и белковомолочностью, то у животных всех комплексов генотипов (за исключением комплекса генотипов генов *DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AB}BLG^{AB}*) она была низкой и средней отрицательной, а коэффициент корреляции (r) варьировал от -0,05 у животных с комбинациями генотипов *DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AB}BLG^{AA}* и *DGAT1^{KK}GH^LVPRL^{AA}BLG^{AB}* до -0,69 – у животных с сочетанием генотипов *DGAT1^{KK}GH^LVPRL^{AA}BLG^{BB}*. Корреляционная связь между показателями жирномолочности и белковомолочности варьировала от средней отрицательной у животных с комплексом генотипов генов *DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{AA}* до высокой положительной у первотелок с комбинацией генотипов генов *DGAT1^{KK}GH^LVPRL^{AB}BLG^{AA}* (r= -0,66 ... 0,89).

Между удоем и количеством молочного жира в молоке, между удоем и количеством молочного белка в молоке, а также между количеством молочного жира и количеством молочного белка в молоке у первотелок всех комплексов генотипов была выявлена высокая положительная корреляционная связь, а коэффициент корреляции (r) находился в интервале от 0,72 до 0,99. Так, между удоем и жирномолочностью у животных всех комплексов генотипов, за исключением комплекса генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AB}BLG^{AA}$, корреляционная связь была от низкой до средней положительной ($r=0,07...0,46$). Аналогичная тенденция была отмечена между удоем и белковомолочностью: у особей всех комплексов генотипов (за исключением комплекса генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{BB}$) была установлена положительная корреляционная связь (от низкой до высокой), а коэффициент корреляции (r) находился в интервале от 0,04 у коров с комплексом генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{AB}$ до 0,77 у животных с комбинацией генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AB}BLG^{AA}$. Между показателями жирномолочности и белковомолочности выявлена положительная корреляционная связь у животных всех комплексов генотипов (за исключением комплекса генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AB}BLG^{AA}$), при этом коэффициент корреляции (r) составил от 0,03 (низкая положительная корреляционная связь) до 0,52 (средняя положительная корреляционная связь). Между удоем и количеством молочного жира в молоке, между удоем и количеством молочного белка в молоке, а также между количеством молочного жира и количеством молочного белка в молоке у коров второй лактации всех комплексов генотипов была выявлена средняя и высокая положительная корреляционная связь ($r=0,67 \dots 0,99$). При анализе корреляционных связей между основными показателями молочной продуктивности коров белорусской черно-пестрой породы третьей лактации установлено, что у животных с комплексом генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{BB}$ отмечена средняя и высокая положительная корреляционная связь между всеми изучаемыми показателями молочной продуктивности. Так, между удоем и жирномолочностью коэффициент корреляции (r) составил 0,49, между удоем и белковомолочностью – 0,80, между жирномолочностью и белковомолочностью – 0,80, между удоем и количеством молочного жира в молоке – 0,97, между удоем и количеством молочного белка в молоке – 0,99, между количеством молочного жира и количеством молочного белка в молоке – 0,98. У животных с комбинацией генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{AB}$ была отмечена низкая положительная корреляционная связь между удоем и жирномолочностью ($r= 0,01$), средняя положительная корреляционная связь между жирномолочностью и белковомолочностью ($r= 0,39$) и высокая отрицательная корреляционная связь между удоем и белковомолочностью ($r= -0,83$). У животных с комплексом генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AB}BLG^{AB}$ была установлена низкая отрицательная корреляционная связь между удоем и жирномолочностью, между удоем и белковомолочностью, а коэффициент корреляции (r) при этом составил -0,14 и -0,02 соответственно. Что касается корреляционной связи между жирномолочностью и белковомолочностью, то она была низкой положительной величиной ($r=0,27$). Между удоем и количеством молочного жира в молоке, между удоем и количеством молочного белка в молоке, а также между количеством молочного жира и количеством молочного белка в молоке у коров второй лактации комплексов генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{AB}$ и $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AB}BLG^{AB}$ была выявлена средняя и высокая положительная корреляционная связь ($r=0,67... 0,98$).

Таким образом, при оценке корреляционных связей между основными показателями молочной продуктивности коров белорусской черно-пестрой породы по трем лактациям с учетом комплексов генотипов генов $DGAT1$, GH , PRL и BLG установлено, что в подавляющем большинстве случаев у животных всех комплексов генотипов по трем лактациям выявлены средняя и высокая положительные корреляционные связи между удоем и количеством молочного жира в молоке, удоем и количеством молочного белка в молоке, а также между количеством молочного жира и количеством молочного белка в молоке. Что касается взаимосвязи между другими показателями молочной продуктивности, в частности, между удоем и жирномолочностью, удоем и белковомолочностью, а также между жирномолочностью и белковомолочностью, то корреляционные связи изменялись в зависимости от комплекса генотипов и номера лактации и варьировали от высоких положительных до высоких отрицательных значений ($r=0,80 \dots -0,83$).

Закключение. При оценке ассоциированного влияния комплексов генотипов генов $DGAT1$, GH , PRL и BLG на показатели молочной продуктивности коров белорусской черно-пестрой породы установлено, что по массовой доле жира и количеству молочного жира в молоке, в большинстве случаев, наиболее высокие показатели имели животные с комплексом генотипов генов $DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{AB}$. Установлено, что у животных всех комплексов генотипов генов по трем лактациям были выявлены средняя и высокая положительные корреляционные связи между удоем и количеством молочного жира в молоке, удоем и количеством молочного белка в молоке, а также между количеством молочного жира и количеством молочного белка в молоке. Что касается взаимосвязи между другими показателями молочной продуктивности, в частности, между удоем и жирномолочностью, удоем и белковомолочностью, а также между жирномолочностью и белковомолочностью, то корреляционные связи изменялись в зависимости от комплекса генотипов

и номера лактации, и варьировали от высоких положительных до высоких отрицательных значений ($r=0,80 \dots -0,83$).

Conclusion. When assessing the associated effect of the genotype complex for the DGAT1, GH, PRL and BLG genes in terms of productivity indicators in cows of the Belarusian black-and-white breed, it was found that by weight and the amount of milk fat in milk, in most cases, the highest indicators were obtained with the complex of genotypes for DGAT1^{KK}GH^{LL}PRL^{AA}BLG^{AB} genes. It was found that in animals with all gene genotype complexes over three lactations, the medium and high positive correlations were identified between milk yield and the amount of milk fat in milk, milk yield and the amount of milk protein in milk, as well as between the amount of milk fat and the amount of milk protein in milk. As for the relationship between other indicators of milk productivity, in particular, between milk yield and fat percentage, milk yield and protein percentage, as well as between fat percentage and protein percentage, the correlations varied depending on the complex of genotypes and lactation number, and ranged from high positive to high negative values ($r=0.80 \dots -0.83$).

Список литературы. 1. Харзинова, В. Р. Полиморфизм ДНК-маркеров DGAT1, TG5 и GH в связи с линейной принадлежностью и уровнем молочной продуктивности коров черно-пестрой породы / В. Р. Харзинова, Н. А. Зиновьева, Е. А. Гладырь // Проблемы биологии продуктив. животных. – 2011. – № 1. – С. 73–77. 2. Кийко, Е. И. Принципы маркерной селекции в молочном скотоводстве / Е. И. Кийко // Вестник Тамбовского университета. Серия : естественные и технические науки. – 2010. – Т. 15, № 1. – С. 134–135. 3. Использование генетических маркеров в селекционно-племенной работе / Н. Ковалюк, А. Ковалюк, Е. Чурилова [и др.] // Молочное и мясное скотоводство. – 2004. – № 8. – С. 20–21. 4. Марзанов, Н. С. Особенности аллелофонда у различных видов и пород животных / Н. С. Марзанов // Биотехнология в растениеводстве, животноводстве и ветеринарии : материалы III Международной научной конференции / Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии. – Москва, 2004. – С. 55–58. 5. Хабибрахманова, Я. А. Генный полиморфизм молочных пород скота / Я. А. Хабибрахманова, Ш. Р. Мещеров, Л. А. Калашникова // V съезд Вавиловского общества генетиков и селекционеров, Москва, 21–28 июня 2009 г. : тезисы докладов / Институт общей генетики РАН [и др.]. – Москва, 2009. – С. 110. 6. Погорельский, И. А. Полиморфизм генов бета-лактоглобулина, гормона роста и пролактина и влияние их генотипов на молочную продуктивность коров / И. А. Погорельский, Г. Н. Сердюк, М. В. Позовникова // Молочное и мясное скотоводство. – 2014. – № 6. – С. 9–13. 7. Маниатис, Т. Молекулярное клонирование / Т. Маниатис, Э.Фрич, Дж. Сэмбрук. – Москва : Мир, 1984. – 480 с. 8. Меркурьева, Е. К. Биометрия в селекции и генетике / Е. К. Меркурьева. – Москва : Колос, 1970. – 423 с. 9. Меркурьева, Е. К. Генетика с основами биометрии / Е. К. Меркурьева, Г. Н. Шангин-Березовский. – Москва : Колос, 1983. – 400 с. 10. Плохинский, Н. А. Биометрия / Н. А. Плохинский. – Москва : АН СССР, 1969. – 360 с. 11. Comprehensive assessment of candidate genes associated with fattening performance in Holstein-Frisian bulls / S. Ardici, H. Samli, B. Vatansever [et al.] // Archives Animal Breeding. – 2019. – 62,9. – 32. 12. Stimulated growth hormone (GH) release in Friesian cattle with respect to GH genotypes / R. Grochowska, L. Zwierzchowski, M. Snochowski, Z. Reklewski // Respod. Nutr. – 1999. – Dev.39. – P. 171–180. 13. Effects of DGAT1 variants on milk production traits in Jersey cattle / J. Komisarek, K. Waskowicz, A. Michalak, Z. Dorynek // Animal Science Papers and Reports. – 2004. – Vol. 22, № 3. – P. 307–313. 14. Polymorphism of PIT-1 and Prolactin Genes and Their Effects on Milk Yield in Holstein Frisian Dairy Cows Bred in Vietnam / N.T.D. Thya, N.T. Thu, N.H. Cuong [et al.] // Russian Journal of Genetics. – 2018. – Vol. 54, № 3. – P. 346–352.

References. 1. Harzinova, V. R. Polimorfizm DNK-markerov DGAT1, TG5 i GH v svyazi s linejnoy prinalozhnost'yu i urovnem molochnoy produktivnosti korov cherno-pestroy porody / V. R. Harzinova, N. A. Zinov'eva, E. A. Gladyr' // Problemy biologii produktiv. zhivotnyh. – 2011. – № 1. – S. 73–77. 2. Kijko, E. I. Principy markernoy selekcii v molochnom skotovodstve / E. I. Kijko // Vestnik Tambovskogo universiteta. Seriya : estestvennye i tekhnicheskie nauki. – 2010. – T. 15, № 1. – S. 134–135. 3. Ispol'zovanie geneticheskikh markerov v selekcionno-plemennoj rabote / N. Kovalyuk, A. Kovalyuk, E. CHurilova [i dr.] // Molochnoe i myasnoe skotovodstvo. – 2004. – № 8. – S. 20–21. 4. Marzanov, N. S. Osobennosti allelofonda u razlichnyh vidov i porod zhivotnyh / N. S. Marzanov // Biotekhnologiya v rastenievodstve, zhivotnovodstve i veterinarii : materialy III Mezhdunarodnoy nauchnoy konferencii / Vserossijskij nauchno-issledovatel'skij institut sel'skohozyajstvennoj biotekhnologii. – Moskva, 2004. – S. 55–58. 5. Habibrahmanova, YA. A. Gennyj polimorfizm molochnyh porod skota / YA. A. Habibrahmanova, SH. R. Meshcherov, L. A. Kalashnikova // V s"ezd Vavilovskogo obshchestva genetikov i selekcionerov, Moskva, 21–28 iyunya 2009 g. : tezisy dokladov / Institut obshchej genetiki RAN [i dr.]. – Moskva, 2009. – S. 110. 6. Pogorel'skij, I. A. Polimorfizm genov beta-laktoglobulina, gormona rosta i prolaktina i vliyaniye ih genotipov na molochnuyu produktivnost' korov / I. A. Pogorel'skij, G. N. Serdyuk, M. V. Pozovnikova // Molochnoe i myasnoe skotovodstvo. – 2014. – № 6. – S. 9–13. 7. Maniatis, T. Molekulyarnoe klonirovaniye / T. Maniatis, E.Frich, Dzh. Sembрук. – Moskva : Mir, 1984. – 480 s. 8. Merkur'eva, E. K. Biometriya v selekcii i genetike / E.K. Merkur'eva. – Moskva : Kolos, 1970. – 423 s. 9. Merkur'eva, E. K. Genetika s osnovami biometrii / E. K. Merkur'eva, G. N. SHangin-Berezovskij. – Moskva : Kolos, 1983. – 400 s. 10. Plohinskij, N. A. Biometriya / N. A. Plohinskij. – Moskva : AN SSSR, 1969. – 360 s. 11. Comprehensive assessment of candidate genes asso-ciated with fattening performance in Holstein-Frisian bulls / S. Ardici, H. Samli, B. Vatansever [et al.] // Archives An-imal Breeding. – 2019. – 62,9. – 32. 12. Stimulated growth hormone (GH) release in Friesian cattle with respect to GH genotypes / R. Grochowska, L. Zwierzchowski, M. Snochowski, Z. Reklewski // Respod. Nutr. – 1999. – Dev.39. – P. 171–180. 13. Effects of DGAT1 variants on milk production traits in Jersey cattle / J. Komisarek, K. Waskowicz, A. Michalak, Z. Dorynek // Animal Science Papers and Reports. – 2004. – Vol. 22, № 3. – P. 307–313. 14. Polymorphism of PIT-1 and Prolactin Genes and Their Effects on Milk Yield in Holstein Frisian Dairy Cows Bred in Vietnam / N.T.D. Thya, N.T. Thu, N.H. Cuong [et al.] // Russian Journal of Genetics. – 2018. – Vol. 54, № 3. – P. 346–352.

Поступила в редакцию 18.10.2024.