

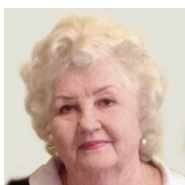
## ПОРОДНЫЕ ОСОБЕННОСТИ АЛЛЕЛЬНОГО ПРОФИЛЯ ГЕНОВ, КОНТРОЛИРУЮЩИХ МОЛОЧНУЮ ПРОДУКТИВНОСТЬ КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА

© Селионова М.И., Чижова Л.Н., Суржикова Е.С.,  
Шарко Г.Н., Михайленко Т.Н., Чудновец А.И.



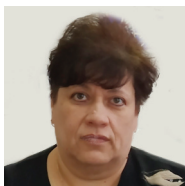
**Селионова Марина Ивановна**

Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр  
Россия, 355017, г. Ставрополь, пер. Зоотехнический, д. 15  
E-mail: m\_selin@mail.ru



**Чижова Людмила Николаевна**

Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр  
Россия, 355017, г. Ставрополь, пер. Зоотехнический, д. 15  
E-mail: immunogenetika@yandex.ru



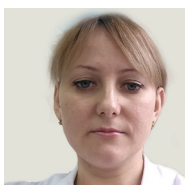
**Суржикова Евгения Семеновна**

Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр  
Россия, 355017, г. Ставрополь, пер. Зоотехнический, д. 15  
E-mail: immunogenetika@yandex.ru



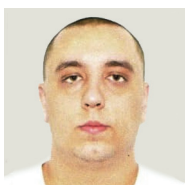
**Шарко Галина Николаевна**

Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр  
Россия, 355017, г. Ставрополь, пер. Зоотехнический, д. 15  
E-mail: immunogenetika@yandex.ru



**Михайленко Татьяна Николаевна**

Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр  
Россия, 355017, г. Ставрополь, пер. Зоотехнический, д. 15  
E-mail: immunogenetika@yandex.ru



**Чудновец Андрей Игоревич**

Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр  
Россия, 355017, г. Ставрополь, пер. Зоотехнический, д. 15  
E-mail: immunogenetika@yandex.ru

*Проблеме повышения эффективности животноводческой отрасли, в том числе и молочному животноводству, всегда уделялось и уделяется особое внимание. Благодаря молекулярно-генетическим методам стала возможной идентификация таких животных, которые способны не только продуцировать высококачественную, отвечающую мировым стандартам продукцию, но и передавать свои выдающиеся характеристики из поколения в поколение. Генетическое маркирование племенных сельскохозяйственных животных является обязательным условием практической селекции в странах с хорошо развитым животноводством (США, Дания, Германия и др.). В нашей стране за последнее десятилетие методы геномной селекции достаточно широко используются при совершенствовании существующих, создании новых селекционных форм сельскохозяйственных животных. Однако в сельскохозяйственных предприятиях Юга России, в том числе и Ставрополья, ДНК-диагностика в силу разных причин не получила должного применения в практической селекции. Вышеизложенное предопределило цель настоящих исследований – изучить породные особенности аллельного полиморфизма генов, контролирующих продуктивность, выявить селекционно значимые генотипы в стадах молочного скота основных пород, разводимых в племенных хозяйствах Ставропольского края. При этом ставились следующие задачи: изучить аллельный профиль генов пролактина (PRL), соматотропина (GH), гипофизарного фактора транскрипции (Pit1); выявить перспективные селекционно значимые генотипы в стадах молочного скота айрширской, ярославской и красной степной пород; определить удельный вес генотипов – носителей аллелей, маркирующих высокую молочную продуктивность. По результатам генотипирования, впервые определены породные особенности аллельного профиля генов, контролирующих молочную продуктивность (PRL, GH, Pit1) коров айрширской, ярославской, красной степной пород; выявлены генотипы – носители аллелей, маркирующие высокую молочную продуктивность; установлено, что удельный вес селекционно значимых генотипов в стадах молочного скота, разводимого на Ставрополье, достаточно низок.*

*Молочный скот, ген-маркер, полиморфизм, пролактин (PRL), соматотропин (GH), ген гипофизарного фактора транскрипции (PIT1), генотип.*

## **Введение**

Повышение экономической эффективности животноводства является одной из главных задач современной сельскохозяйственной науки и практики. Селекционный процесс требует интенсивного использования животных с выдающимися показателями, повторяющимися в последующих поколениях. Идентификация таких животных стала возможной благодаря молекулярно-генетическим методам.

Сопоставления молекулярно-генетических маркеров с хозяйственно полезными признаками основаны на современных методах селекции. Это по своей сути ин-

тегрированный подход, тесно связывающий генотип с фенотипом, что позволяет выявить для целенаправленного использования в практической селекции ценный генетический материал. В настоящее время для решения целого ряда вопросов практически все чаще и чаще используются молекулярно-генетические маркеры. Генетические маркеры необходимы при определении видовой принадлежности, выяснении степени родства в популяциях животных, различных групп, их генетического полиморфизма, для обнаружения того или иного полезного признака в практических целях, что делает его не толь-

ко объективным, но и менее затратным, ускоряя тем самым селекционный процесс. Совершенно не случайно в настоящее время вопрос внедрения прогрессивных ДНК-технологий находится в центре внимания специалистов, работающих в условиях рыночного скотоводства, так как привлечение информации о генетических маркерах меняет рыночную ценность животных [1, с. 54; 2, с. 44].

Для использования данных генетического тестирования в практической селекции необходимы сведения о наличии полиморфных вариантов потенциальных генов-маркеров, встречающихся с частотой, удобной для идентификации в популяции представителей с необходимыми генотипами. Выявление перспективных для использования в практике разведения генетических маркеров позволит продолжить исследования по выявлению взаимосвязи уровня желаемых хозяйственно полезных признаков с определенным генотипом. Выявление животных с желаемым генотипом является одним из важных мероприятий в формировании стад, популяций, консолидированных по предполагаемому уровню продуктивности и племенной ценности [3, с. 7].

В перспективе исследование полиморфизма потенциальных генов хозяйственно полезных признаков крупного рогатого скота может стать отправной точкой в интенсификации отрасли, а также поможет решить множество задач по сохранению и рациональному использованию отечественных пород молочного скота.

В качестве перспективных генетических маркеров, ассоциированных с молочной продуктивностью крупного рогатого скота, выделяют пролактин (PRL), соматотропин (GH), гипофизарный фактор транскрипции (PIT-1). Пролактин (PRL) относится к семейству белковых гормонов, расположен на 23 хромосоме, состоит из пяти экзонов, четырех интронов. Он, являясь одним из универсальных гормонов гипо-

физа, участвует в инициации и поддержании лактации у крупного рогатого скота [2, с. 45; 4, с. 119; 5, с. 501]. Полиморфизм пролактина представлен тремя генотипами: AA, BB – гомозиготные; AB – гетерозиготные варианты.

Ген соматотропин (GH) – обладает инсулиноподобным, лактогенным, жиромобилизирующим и нейтронным действием. Он синтезируется в передней доле гипофиза, основной его биологический эффект заключается в регуляции постнатального развития, с одной стороны, стимуляции метаболизма, лактации, состава молока – с другой [6, с. 37]. В структуре и регуляторных частях аллельные варианты гена GH важны с точки зрения их прямого и опосредованного влияния на качество молока и молочную продуктивность [7, с. 12]. Полиморфизм гена GH представлен тремя генотипами (LL, LV, VV) и двумя (L, V) аллелями. Рядом исследователей установлено, что ген GH, контролирующий синтез соматотропина, также регулирует рост и развитие животного, играет ключевую роль в углеводном и жировом обмене. В позиции нуклеотидной последовательности 2141 происходит замена цитозина на гуанин, в полипептидной цепи положении 127 влечет замену синтеза аминокислоты лейцин (Leu) на валин (Val) [8, с. 87; 9, с. 39].

Особое место в детерминации молочной продуктивности занимает гипофизарный фактор транскрипции (PIT-1). В регуляции этого процесса он рассматривается как третья, самая высокая ступень. Доказано, что на ранних этапах эмбриогенеза этот ген направляет дифференциацию клеток гипофиза, также определяет развитие зон, ответственных за синтез соматотропина, пролактина, и участвует в регуляции экспрессии их генов. Полиморфизм гена PIT-1 представлен тремя (AA, BB, AB) генотипами и двумя (A, B) аллелями [2, с. 45; 10, с. 235].

Вышеизложенное предопределило цель, своевременность настоящих исследований

и их актуальность: изучить породные особенности аллельного полиморфизма генов, контролирующих продуктивность, выявить селекционно значимые генотипы в стадах молочного скота основных пород, разводимых в племенных хозяйствах Ставропольского края.

### Материалы и методы исследований

Работа выполнялась в племенных хозяйствах Ставропольского края, занимающихся разведением молочного скота айрширской, ярославской, красной степной пород, кровь которых служила биологическим материалом для выделения ДНК с использованием набора реагентов «DIAtomtmDNAprep» (IsoGeneLab, Москва). Для проведения полимеразной цепной реакции (ПЦР) применялись наборы «GenePakPCRCore» (IsoGeneLab, Москва). Методом ПЦР-ПДРФ (полиморфизм длин рестрикционных фрагментов) проводилось генотипирование исследуемого поголовья молочного скота по генам PRL, GH, PIT-1 (табл. 1).

На программируемом термоциклере «Терцик» фирмы «ДНК-технология» (Россия) четырехканальном в объеме 20–25 мкл с использованием праймеров осуществлялась полимеразно-цепная реакция.

Электрофоретическим методом в 1,5–2,0% агарозном геле при УФ-свете после окрашивания бромистым этидием определялось число и длина фрагментов рестрик-

ции. С помощью компьютерной системы гель-документирования анализировалась. Стандартный набор M 50 «Gene Pak DNA Markers» (IsoGeneLab) использовали в качестве маркера молекулярных масс.

Генетико-статистический анализ осуществлялся с использованием формул.

Частота встречаемости генотипов устанавливали по формуле:

$$p = n / N,$$

где:

$p$  – частота определяемого генотипа;

$n$  – количество особей, имеющих определенный генотип;

$N$  – общее число особей.

При подсчете частоты встречаемости аллелей использовалась формула:

$$P(A) = \frac{2N_1 + N_2}{2n},$$

где:

$P$  – частота встречаемости аллели;

$N_1$  – число гомозигот по исследуемому аллелю;

$N_2$  – число гетерозигот по исследуемому аллелю;

$n$  – объем выборки.

Математический расчет теоретически ожидаемого числа животных и критерия соответствия Пирсона по каждому исследуемому гену проводился с использованием формул:

Таблица 1. Характеристика аллельных вариантов

Нуклеотидные последовательности	Т° С, отжига праймеров	Генотипы	Амплификат (п.н.)	Рестриктаза / замена нуклеотида
PRL				
F:5'-cgagtccttatgagcttgattctt-3' R:5'-gcctccagaagctgtgttttc-3'	63	AA/AB/BB	156	RsaI / A→G
GH				
F:5'-gctgctcctgagccttcg-3' R:5'-gcggcggcacttcagaccct-3'	65	VV/VL/LL	223	AluI / C→A
PIT-1				
F:5'-caatgagaaagttggtgc-3' R:5'-tctgcattcgagatgctc-3'	55	AA/AB/BB	660	HinfI / A→G

$$N_{ii} = P_i^2 N - \text{для гомозигот};$$

$$N_{ij} = P_i P_j 2N - \text{для гетерозигот},$$

где:

$N_{ii}, N_{ij}$  – теоретически ожидаемое число животных;

$P_i, P_j$  – частота  $i$  и  $j$  аллелей;

$N$  – общее количество животных.

$$\chi^2 = \Sigma (\Phi - T)^2 / T,$$

где:

$\Phi$  – фактически наблюдаемое количество животных каждого генотипа;

$T$  – теоретически ожидаемое число животных каждого генотипа.

Уровень гомозиготности ( $Ca$ ) рассчитывался:

$$Ca = P(A)^2 + P(B)^2 \cdot 100\%.$$

Число эффективно действующих аллелей (уровень полиморфности локуса,  $Na$ ):

$$Na = 1 / Ca,$$

где:

$Na$  – уровень полиморфности локуса;

$Ca$  – уровень гомозиготности локуса.

Степень генетической изменчивости популяции ( $V$ ) выражается через коэффициент (по А. Робертсону):

$$V = 1 - Ca / 1 - 1 / N \cdot 100,$$

где:

$N$  – количество животных;

$Ca$  – коэффициент гомозиготности;

$TT$  – тест гетерозиготности – отношение фактической гетерозиготности к теоретической.

### Результаты исследований и их обсуждение

Анализом результатов генотипирования установлено, что полиморфизм изучаемых генов представлен, как правило, двумя аллелями с разной частотой встречаемости.

Характерной особенностью полиморфизма пролактина (PRL), представленного аллелями (А и В), стали достаточно высокая частота встречаемости аллеля В (0,65) в стаде коров айрширской породы и в два раза реже (0,35) – встречаемость аллеля А. Присутствие гомо-, гетерозиготных генотипов (АА, ВВ, АВ) в этом стаде коров составило: 20,0; 51,0; 29,0% соответственно. Достаточно низкая (0,28) частота встречаемости аллеля А этого же гена, но высокая (0,72) аллеля В обеспечила сравнительно высокую (62,0%) частоту встречаемости гомозиготного (ВВ) генотипа, низкую (18,0%) генотипа (АА) в стаде коров ярославской породы. В два раза реже встречалась аллель А гена пролактина в стаде коров красной степной породы: 0,33, против 0,67, что обусловило наличие 54,0 гомозиготных ВВ и 19,0% – АА генотипов.

Для полиморфизма гена соматотропина (GH), представленного двумя аллелями V и L, характерно сравнительно равномерное межпородное распределение, составившее для аллеля V – 0,45, для аллеля L – 0,56 среди коров айрширской, 0,32 и 0,36; 0,68 и 0,64 – среди коров ярославской и красной степной пород (табл. 2).

Выявлены существенные различия в частоте встречаемости гомозиготных VV и LL, гетерозиготных VL генотипов: частота встречаемости гомозиготного VV генотипа в стаде айрширской породы составила 37,0%, против 18,0 и 13,0% -ярославской и красной степной. Частота встречаемости гомозиготного LL генотипа в исследуемых стадах варьировала от 41,0 до 55,0%.

Присутствие аллелей А и В гена PIT-1 с частотой встречаемости 0,38 и 0,62 в стаде коров айрширской породы нашло отражение в наличии гомо- и гетерозиготных генотипов: АА – 25,0; ВВ – 48,0 и 27,0% соответственно. Специфичность концентрации аллелей А и В этого гена, составившая 0,32 и 0,68 среди животных ярославской породы, нашла отражение в присутствии

**Таблица 2. Аллельный профиль генов крупного рогатого скота молочного направления продуктивности**

Показатель	PRL			GH			PIT-1		
	генотип			генотип			генотип		
	AA (A)	AB	BB (B)	VV (V)	LV	LL (L)	AA (A)	AB	BB (B)
Айрширская (n=73)									
Частота аллеля	0,35		0,65	0,45		0,56	0,38		0,62
Частота генотипов	0,20	0,29	0,51	0,37	0,16	0,47	0,25	0,27	0,48
Частота генотипов, %	20,0	29,0	51,0	37,0	16,0	47,0	25,0	27,0	48,0
Ярославская (n=158)									
Частота аллеля	0,28		0,72	0,32		0,68	0,32		0,68
Частота генотипов	0,18	0,20	0,62	0,18	0,27	0,55	0,21	0,23	0,56
Частота генотипов, %	18,0	20,0	62,0	18,0	27,0	55,0	21,0	23,0	56,0
Красная степная (n=108)									
Частота аллеля	0,33		0,67	0,36		0,64	0,37		0,63
Частота генотипов	0,19	0,27	0,54	0,13	0,45	0,41	0,22	0,32	0,48
Частота генотипов, %	19,0	27,0	54,0	13,0	45,0	41,0	22,0	32,0	48,0
Источник: результаты исследований авторов.									

гомозиготных (AA, BB) и гетерозиготных (AB) генотипов, соответственно: 21,0; 56,0; 23,0%. Вариабельность частоты встречаемости аллеля А (0,37), аллеля В (0,63) обеспечила присутствие в стадах красно-степной породы гомозиготных (AA, BB), гетерозиготного (AB) генотипов, соответственно: 22,0; 48,0; 32,0%.

Использование генетико-статистических методов анализа путем определения цифровых значений таких генетических констант, как степень гомозиготности (Ca), уровень полиморфности (Na), степень генетической изменчивости (V), дало оценку генетической структуры изучаемых пород.

Степень гомозиготности (Ca), свидетельствующая о консолидации генов, контролирующих молочную продуктивность, была сравнительно одинаковой у всех изучаемых пород (айрширской, ярославской, красной степной), составила, соответственно, 54,5; 59,8; 55,8% – для гена PRL; 51,6; 56,5; 53,9% – для гена GH; 52,9; 56,5; 53,4% – для PIT-1. Число эффективно действующих аллелей генов пролактина (PRL), соматотропина (GH), гипофизар-

ного фактора транскрипции (PIT-1) было наиболее высоким у коров айрширской породы, составило, соответственно, 1,83; 1,93; 1,89, наименьшее: 1,67; 1,77; 1,77 – у ярославской породы. Сравнительный анализ уровня наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности в исследуемых популяциях молочного скота свидетельствует о неоднозначности характера его распределения в изучаемых генах. Вариабельность наблюдаемой гетерозиготности гена пролактина (PRL) была незначительной у коров айрширской и красной степной пород, составило 0,404 и 0,367, несколько ниже – 0,254 – у ярославской породы (табл. 3).

Значительная вариабельность этого показателя была характерна для гена соматотропина (GH): от минимальных значений (0,196) у айрширов до максимальных (0,830) у животных красной степной породы. Сравнительно одинаковый уровень наблюдаемого гетерозиготного гена (PIT-1) – 0,377; 0,306; 0,421 – обнаружен у всех исследуемых пород молочного скота. Вариабельность ожидаемой гетерозиготности зависела как от породной

**Таблица 3. Породные особенности генетической структуры молочного скота**

Показатель	Порода		
	айрширская	ярославская	красная степная
Ген пролактин (PRL)			
Количество гомозигот (n)	52	126	79
Количество гетерозигот (n)	21	32	29
Наблюдаемая гетерозиготность (Hobs)	0,404	0,254	0,367
Ожидаемая гетерозиготность (Hex)	0,836	0,675	0,792
Степень гомозиготности (Ca), %	54,5	59,8	55,8
Уровень полиморфности (Na)	1,83	1,67	1,79
Степень генетической изменчивости (V), %	45,4	40,1	44,1
Тест гетерозиготности (ТГ)	-0,43 Ф < Т	-0,42 Ф < Т	-0,42 Ф < Т
Ген соматотропин (GH)			
Количество гомозигот (n)	61	115	59
Количество гетерозигот (n)	12	43	49
Наблюдаемая гетерозиготность (Hobs)	0,196	0,374	0,830
Ожидаемая гетерозиготность (Hex)	0,976	0,770	0,857
Степень гомозиготности (Ca), %	51,6	56,5	53,9
Уровень полиморфности (Na)	1,93	1,77	1,85
Степень генетической изменчивости (V), %	48,3	43,4	46,0
Тест гетерозиготности (ТГ)	-0,78 Ф < Т	-0,39 Ф < Т	-0,03 Ф < Т
Ген гипофизарный фактор транскрипции (PIT-1)			
Количество гомозигот (n)	53	121	76
Количество гетерозигот (n)	20	37	32
Наблюдаемая гетерозиготность (Hobs)	0,377	0,306	0,421
Ожидаемая гетерозиготность (Hex)	0,891	0,771	0,873
Степень гомозиготности (Ca), %	52,9	56,5	53,4
Уровень полиморфности (Na)	1,89	1,77	1,87
Степень генетической изменчивости (V), %	47,0	43,4	46,5
Тест гетерозиготности (ТГ)	-0,51 Ф < Т	-0,46 Ф < Т	-0,45 Ф < Т
Источник: результаты исследований авторов.			

принадлежности животных, так и от гена. Наиболее высоким изучаемый показатель для гена PRL, GH, PIT-1 оказался у коров айрширской породы, составил, соответственно, 0,836; 0,976; 0,891, несколько ниже: 0,792; 0,830; 0,873 – у коров красной степной породы, еще ниже: 0,675; 0,720; 0,771 – у животных ярославской породы.

Что касается теста гетерозиготности, отражающего отклонение частот встречаемости гетерозиготных генотипов от теоретически ожидаемой доли гетерозигот согласно закону Харди-Вайнберга, то его величина у всех

изучаемых пород молочного скота оказалась отрицательной и сравнительно одинаковой: -0,43; -0,42; -0,42 – для PRL; -0,51; -0,46; -0,45 – для PIT-1; неоднозначной: -0,78; -0,39; -0,03 – для GH.

Таким образом, исследованиями генетической сбалансированности стад молочного скота установлено своеобразие генетической структуры, зависящей как от породы, так и от гена.

Генетико-статистическими методами анализа установлено, что доля животных, имеющих желательный комплексный ге-

**Таблица 4. Частота встречаемости желательных генотипов среди молочного скота Ставропольского края**

Желательные генотипы	Число генов/аллелей	Частота встречаемости, %
PRL <sup>BB</sup> GH <sup>VV</sup> PIT-1 <sup>AA</sup>	3/6	3,1
PRL <sup>BB</sup> PIT-1 <sup>AA</sup>	2/4	17,4
GH <sup>VV</sup>	1/2	68,7

Источник: результаты исследований авторов.

**Таблица 5. Распределение селекционно значимых генотипов, %**

Порода	Селекционно-значимые генотипы		
	PRL <sup>BB</sup> GH <sup>VV</sup> PIT-1 <sup>AA</sup>	PRL <sup>BB</sup> PIT-1 <sup>AA</sup>	GH <sup>VV</sup>
Айрширская	1,5	4,9	18,1
Ярославская	0,9	7,5	24,4
Красная степная	1,2	5,8	20,3

Источник: результаты исследований авторов.

нотип, включающий 6 маркерных аллелей трех генов (PRL<sup>BB</sup> GH<sup>VV</sup> PIT-1<sup>AA</sup>), составила 3,1, комбинация из 4 маркерных аллелей и двух генов (PRL<sup>BB</sup>PIT-1<sup>AA</sup>) – 17,4, носители 2 маркерных аллелей одного гена – 68,7% (табл. 4–5).

Сравнительным анализом распределения в стадах молочного скота особо ценных генотипов выявлено, что доля животных, имевших желательный комплексный генотип, включающий 6 маркерных аллелей трех генов, в стаде коров айрширской породы составила 1,5; ярославской – 0,9; красной степной – 1,2%, доля животных с 4 маркерными аллелями двух генов, соответственно: 7,5; 4,9; 5,8%.

### Заключение

Методами ДНК-диагностики выявлены межпородные особенности полиморфизма генов, контролирующей продуктивность

молочного скота, частота встречаемости которых зависела от породы и варьировала в широких пределах: от полного отсутствия 0 до 60,0%. Установлено, что доля животных – носителей гомозиготного желательного генотипа по трем генам, включающего шесть маркерных аллелей, составила 3,1, по двум генам и четырем маркерным аллелям – 17,4 и 2 аллеля 1 гена – 68,7%. Результаты генотипирования свидетельствуют о том, что удельный вес особо ценных генотипов в племенных стадах молочного скота, разводимого на Ставрополье, сравнительно низок.

Регулярное проведение скрининговых работ по выявлению желательных генотипов создаст условия для накопления селекционно значимых генетических маркеров в племенных стадах молочного скота, разводимого в хозяйствах Ставропольского края.



## ЛИТЕРАТУРА

1. Популяционно-генетическая дифференциация молочного скота по ISSR-PCR маркерам / Г.Ю. Косовский [и др.] // Доклады РАСХН. 2014. № 5. С. 53–56.
2. Перспективные генетические маркеры крупного рогатого скота / М.И. Селионова [и др.] // Вестн. АПК Ставрополя. 2018. № 3 (31). С. 44–52.
3. Роль геномной оценки в разведении молочного скота / И.Н. Янчуков [и др.] // Молочное и мясное скотоводство. 2013. № 8. С. 6–8.
4. Видоспецифические ISSR – PCR маркеры и пути их формирования / В.И. Глазко [и др.] // Изв. Тимирязев. с.-х. акад. 2012. № 1. С. 118–125.
5. Генетические маркеры в селекции ярославского скота / А.И. Чудновец [и др.] // Новости науки АПК. 2018. № 11 (1). С. 499–502.
6. Роль гена пролактина и его рецептора в формировании признаков продуктивности сельскохозяйственных животных / М.А. Леонова [и др.] // Генетика и разведение животных. 2014. № 4. С. 37–39.
7. Генотипирование холмогорского и голштинского скота по генам пролактина и соматотропина / И.Е. Багаль [и др.] // Вестн. Росс. акад. с.-х. наук. 2014. № 5. С. 11–13.
8. Gordon D.F. [et. al.]. Nucleotide sequence of the bovine growth hormone chromosomal gene. *Molecular and cellular endocrinology*, 2007, vol. 33, pp. 85–95.
9. Полиморфизм генов гормона роста и пролактина в связи с признаками качества молока у крупного рогатого скота ярославской породы / И.В. Лазебная [и др.] // Сельскохозяйственная биология. 2012. № 2. С. 39–44.
10. Аллельный полиморфизм гена PIT-1 в стадах крупного рогатого скота Брянской области и его связь с молочной продуктивностью / Е.В. Дроздов [и др.] // Изв. Самар. науч. центра РАН. 2011. Т. 13. № 5 (3). С. 235–239.
11. Использование полиморфизма локуса LEP в селекции черно-пестрого скота / Н.В. Ковалюк [и др.] // Молочное и мясное скотоводство. 2017. № 3. С. 14–16.
12. Komisarek J. Impact of LEP and LEPR gene polymorphisms on functional traits in Polish Holstein-Friesian cattle. *Animal Science Papers and Reports*, 2010, vol. 10, pp. 133–141.

## Сведения об авторах

Селионова Марина Ивановна – доктор биологических наук, профессор, директор. Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт овцеводства и козоводства» – филиал Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр». Россия, 355017, г. Ставрополь, пер. Зоотехнический, д. 15. E-mail: m\_selin@mail.ru. Тел.: +7(8652) 37-10-39.

*Чижова Людмила Николаевна* – доктор сельскохозяйственных наук, профессор, главный научный сотрудник лаборатории иммуногенетики и ДНК-технологий. Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт овцеводства и козоводства» – филиал Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр». Россия, 355017, г. Ставрополь, пер. Зоотехнический, д. 15. E-mail: immunogenetika@yandex.ru. Тел.: +7(8652) 71-72-18.

*Суржикова Евгения Семеновна* – кандидат сельскохозяйственных наук, старший научный сотрудник лаборатории иммуногенетики и ДНК-технологий. Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт овцеводства и козоводства» – филиал Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр». Россия, 355017, г. Ставрополь, пер. Зоотехнический, д. 15. E-mail: immunogenetika@yandex.ru. Тел.: +7(8652) 71-72-18.

*Шарко Галина Николаевна* – старший научный сотрудник лаборатории иммуногенетики и ДНК-технологий. Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт овцеводства и козоводства» – филиал Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр». Россия, 355017, г. Ставрополь, пер. Зоотехнический, д. 15. E-mail: immunogenetika@yandex.ru. Тел.: +7(8652) 71-72-18.

*Михайленко Татьяна Николаевна* – научный сотрудник лаборатории иммуногенетики и ДНК-технологий. Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт овцеводства и козоводства» – филиал Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр». Россия, 355017, г. Ставрополь, пер. Зоотехнический, д. 15. E-mail: immunogenetika@yandex.ru. Тел.: +7(8652) 71-72-18.

*Чудновец Андрей Игоревич* – аспирант. Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт овцеводства и козоводства» – филиал Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр». Россия, 355017, г. Ставрополь, пер. Зоотехнический, д. 15. E-mail: immunogenetika@yandex.ru. Тел.: +7(8652) 71-72-18.

## BREED CHARACTERISTICS OF THE ALLELIC PROFILE OF THE GENES THAT CONTROL MILK PRODUCTION IN CATTLE

Selionova M.I., Chizhova L.N., Surzhikova E.S.,  
Sharko G.N., Mikhailenko T.N., Chudnovets A.I.

*The problem of improving the efficiency of the livestock industry, including dairy farming, has always been given special attention. Thanks to molecular genetic methods it became possible to identify such animals that are able not only to produce high-quality products that meet international standards, but also to transfer their outstanding features from generation to generation. Genetic marking of breeding farm animals is a prerequisite for practical breeding in countries with a well-developed livestock sector (USA, Denmark, Germany, etc.). In our country, over the past decade, the methods of genomic selection are widely used in improving the existing breeding forms of farm animals and in creating new ones. However, in the agricultural enterprises of the South of Russia, including Stavropol, DNA diagnostics for various reasons has not been properly used in practical breeding. All this predetermines the goal of the present research, which is to study the breed characteristics of allele polymorphism of the genes that control productivity, to identify the genotypes important for selection in dairy cattle herds of the main breeds in the breeding farms of Stavropol Krai. At the same time, the following tasks were set: to study the allele profile of prolactin (PRL), somatotropin (GH), pituitary transcription factor (Pit1) genes; to identify promising breeding significant genotypes in dairy cattle herds of Ayrshire, Yaroslavl, and red steppe breeds; to determine the share of the genotypes-carriers of alleles that mark high milk productivity. According to the results of genotyping, the breed features of allele profile of the genes controlling milk productivity (PRL, GH, Pit1) in the cows of Ayrshire, Yaroslavl, and red steppe breeds were determined for the first time; the genotypes-carriers of alleles marking high milk productivity were revealed; and it was found that the proportion of the genotypes important for breeding in the herds of dairy cattle bred in Stavropol Krai was rather low.*

*Dairy cattle, genetic marker, polymorphism, prolactin (PRL), somatotropin (GH), pituitary transcription factor gene (PIT1), genotype.*

### Information about the authors

*Selionova Marina Ivanovna* – Doctor of Biology, Professor, Director. Federal State Budgetary Scientific Institution “All-Russian Research Institute for Sheep and Goat Breeding – a branch of the Federal State Budgetary Scientific Institution “North Caucasus Federal Scientific Agrarian Center”. 15, Zootechnichesky Lane, Stavropol, 355017, Russian Federation. E-mail: m\_selin@mail.ru. Phone: +7(8652) 37-10-39.

*Chizhova Lyudmila Nikolaevna* – Doctor of Agriculture, Professor, Chief Research Associate of the laboratory of immunogenetics and DNA technologies. Federal State Budgetary Scientific Institution “All-Russian Research Institute for Sheep and Goat Breeding – a branch of the Federal State Budgetary Scientific Institution “North Caucasus Federal Scientific Agrarian Center”. 15, Zootechnichesky Lane, Stavropol, 355017, Russian Federation. E-mail: immunogenetika@yandex.ru. Phone: +7(8652) 71-72-18.

*Surzhikova Evgenia Semenovna* – Ph.D. in Agriculture, Senior Research Associate of the laboratory of immunogenetics and DNA technologies. Federal State Budgetary Scientific Institution “All-Russian Research Institute for Sheep and Goat Breeding – a branch of the Federal State Budgetary Scientific Institution “North Caucasus Federal Scientific Agrarian Center”. 15, Zootechnichesky Lane, Stavropol, 355017, Russian Federation. E-mail: immunogenetika@yandex.ru. Phone: +7(8652) 71-72-18.

*Sharko Galina Nikolaevna* – Senior Research Associate of the laboratory of immunogenetics and DNA technologies. Federal State Budgetary Scientific Institution “All-Russian Research Institute for Sheep and Goat Breeding – a branch of the Federal State Budgetary Scientific Institution “North Caucasus Federal Scientific Agrarian Center”. 15, Zootechnichesky Lane, Stavropol, 355017, Russian Federation. E-mail: immunogenetika@yandex.ru. Phone: +7(8652) 71-72-18.

*Mikhailenko Tat'yana Nikolaevna* – Research Associate of the laboratory of immunogenetics and DNA technologies. Federal State Budgetary Scientific Institution “All-Russian Research Institute for Sheep and Goat Breeding – a branch of the Federal State Budgetary Scientific Institution “North Caucasus Federal Scientific Agrarian Center”. 15, Zootechnichesky Lane, Stavropol, 355017, Russian Federation. E-mail: immunogenetika@yandex.ru. Phone: +7(8652) 71-72-18.

*Chudnovets Andrei Igorevich* – Post-Graduate Student. Federal State Budgetary Scientific Institution “All-Russian Research Institute for Sheep and Goat Breeding – a branch of the Federal State Budgetary Scientific Institution “North Caucasus Federal Scientific Agrarian Center”. 15, Zootechnichesky Lane, Stavropol, 355017, Russian Federation. E-mail: immunogenetika@yandex.ru. Phone: +7(8652) 71-72-18.