

УДК 636.2+636.082.2

СТРУКТУРА СУБПОПУЛЯЦИЙ АЙРШИРСКОГО, ГОЛШТИНСКОГО И ДЖЕРСЕЙСКОГО СКОТА ЮЖНЫХ РЕГИОНОВ РОССИИ ПО *CSN2* (RS43703011), *CSN3* (RS43703016) И МИКРОСАТЕЛЛИТНЫМ ЛОКУСАМ (*BM1818*, *BM1824*, *BM2113*, *ETH10*, *ETH225*, *ETH3*, *INRA023*, *SPS115*, *TGLA126*, *TGLA122*, *TGLA227*, *TGLA53*)

© 2024 г. Н. В. Ковалюк¹, *, А. Е. Волченко¹, Е. В. Ширяева¹, Л. И. Якушева¹,
Ю. Ю. Шахназарова¹

¹Краснодарский научный центр по зоотехнии и ветеринарии, Краснодар, 350055 Россия

*e-mail: NVK1972@yandex.ru

Поступила в редакцию 02.08.2023 г.

После доработки 02.10.2023 г.

Принята к публикации 10.10.2023 г.

В ходе исследований с использованием молекулярно-биологических методов генотипировано по локусам *BM1818*, *BM1824*, *BM2113*, *ETH10*, *ETH225*, *ETH3*, *INRA023*, *SPS115*, *TGLA126*, *TGLA122*, *TGLA227*, *TGLA53*, *CSN2*(rs43703011) и *CSN3*(rs43703016) 3000 образцов крови коров айрширской, голштинской и джерсейской пород из стад Краснодарского и Ставропольского краев. В среднем частота встречаемости гомозиготных генотипов по 12 микросателлитным локусам у джерсейского скота составила 0.38, у голштинского и айрширского – 0.30 и 0.27 соответственно; наиболее высокое аллельное разнообразие выявлено у голштинского скота (9.0 ± 1.7 аллелей на локус). Следует отметить значительные отличия генетического профиля айрширского скота. Для айрширских животных типичными (но малораспространенными у скота джерсейской и голштинской пород) оказались аллельные варианты: 270 локуса *BM1818*, 137 локуса *BM2113*, 213 локуса *ETH10*, 119 локуса *ETH3*, 142 локуса *ETH225*, 87 локуса *TGLA227*, 166 локуса *TGLA53*. В изученной субпопуляции джерсейского скота частота встречаемости генотипа A2A2 локуса *CSN2*(rs43703011) (бета-казеина) составила 0.68, а в группах айрширского и голштинского лишь 0.25 и 0.31 соответственно. Генотип BB локуса *CSN3*(rs43703016) (каппа-казеина) встречался в джерсейской группе животных с частотой 0.76, а у айрширов и голштинов – 0.04 и 0.15 соответственно. Генотипированные группы джерсейских, айрширских и голштинских животных значительны по объему; предполагаем, что выявленные закономерности характерны для скота указанных пород на юге России. Считаем, что полученные данные в дальнейшем можно использовать в практической работе по отнесению тех или иных групп скота к типичным голштинским, айрширским или джерсейским и при создании стад – продуцентов молока определенного типа (например молока типа A2).

Ключевые слова: голштинский, айрширский, джерсейский скот, микросателлитные локусы, *CSN2*, *CSN3*.

DOI: 10.31857/S0016675824030055 **EDN:** DPECЕМ

Микросателлиты – участки ДНК, состоящие из тандемно повторяющихся мономеров. Генотипирование по микросателлитным локусам используется в генетических исследованиях и для подтверждения происхождения животных, так STR-маркеры *BM1818*, *BM1824*, *BM2113*, *ETH10*, *ETH225*, *ETH3*, *INRA023*, *SPS115*, *TGLA126*, *TGLA122*, *TGLA227*, *TGLA53* рекомендованы для этой цели ISAG (International Society for Animal Genetics)[1–5].

Из описанных в литературных источниках генетических вариантов каппа-казеина крупного рогатого скота наиболее распространенными

являются аллели *A* и *B* (rs43703016). Установлено, что аллель *A* в большинстве исследованных групп встречается значительно чаще аллеля *B* [6, 7]. Установлено, что молочные системы, полученные из молока животных *CSN3BB*, имеют самую короткую продолжительность коагуляции, лучшие значения прочности сгустка и повышенный выход по сравнению с молоком от коров *CSN3AA* [8].

Для гена β-казеина (*CSN2*) описано 13 полиморфных вариантов. В зависимости от кодона, кодирующего аминокислоту в позиции 67β-казеина (гистидин или пролин), животные произ-

водят молоко двух типов: *A1* и *A2* и имеют генотипы *A1A1*, *A1A2*, *A2A2* [9].

Исследования, проведенные в ряде стран, показали, что существует связь между потреблением β -казеина типа *A1* (rs43703011) и различными заболеваниями. При расщеплении ферментами ЖКТ молока, содержащего фракцию β -казеина *A1*, образуется пептид β -казеоморфин 7 (BCM-7) в значительно большем количестве, чем при соответствующем расщеплении молока, содержащего фракцию β -казеина *A2* (полученного от коров с генотипом *A2A2*).

Вероятно, опиоидный пептид BCM-7 имеет более высокое сродство, по сравнению с иными метаболитами, к ряду рецепторов мозговой ткани, иммунных клеток и клеток кишечника и запускает реакции воспаления, особенно у детей и людей с нарушениями функции пищеварения [9,10].

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

В ходе исследований с использованием молекулярно-биологических методов проанализировано 3000 образцов крови коров айрширской породы ($n = 1000$) (АО “Агрокомплекс Павловский” Павловского района, ООО “ПЗ “Дружба” Калининского района, ПАО “ПЗ им. В.И. Чапаева” Динского района Краснодарского края); голштинской породы ($n = 1000$) (АО “Родина” Каневского района, ОАО Агрофирма племзавод “Победа” Каневского района, АО “Рассвет” Усть-Лабинского района Краснодарского края) и джерсейской породы ($n = 1000$) (ООО “Агроальянс Инвест” Александровского района Ставропольского края). Анализировались животные с подтвержденным по матери и отцу происхождением.

ДНК выделяли из цельной крови с антикоагулянтом (ЭДТА) при помощи ПЦР-совместимого реагента для проведения быстрого лизиса CorDIS Sprint. ПЦР проводили с использованием набора CorDIS Cattle (ООО “Гордиз”, Россия). Продукты амплификации анализировали с применением генетического анализатора Applied Biosystems 3500 Series Genetic Analyzer. Учитывались следующие STR-маркеры: *BM1818*, *BM1824*, *BM2113*, *ETH10*, *ETH225*, *ETH3*, *INRA023*, *SPS115*, *TGLA126*, *TGLA122*, *TGLA227*, *TGLA53*.

Для амплификации участка локуса *CSN2* использовали разработанные нами праймеры следующей последовательности [11]:

BK1 5'-AGG GAT GTT TTG TGG GAG GCT
CTT-3';
BK2 5'-ATA AAA TCC ACC CCT TTG CCC
AGA-3'.

и наборы реагентов Gene Pak PCR Core (ООО Лаборатория “Изоген”, г. Москва). Фрагменты, амплифицированные с участка гена β -казеина (температура отжига 63°C), расщеплялись эндонуклеазой BstDEI (№ E227, НПО “СибЭнзим”) в случае наличия аллеля *A2* на два фрагмента: 64 и 22 пн. Фрагмент, амплифицированный с аллеля *A1*, сайта рестрикции не имел (размер его составлял 86 пн). Результаты рестрикции оценивали в 2.5%-ном агарозном геле.

Для амплификации участка локуса *CSN3* использовали следующие праймеры [12]:

KKAZ 1 5'-TGT GCT GAG TAG GTA TCC TAG
TTA TGG-3';
KKAZ 2 5'-GCG TTG TCT TCT TTG ATG TCT
CCT TAG-3'

Условия амплификации: 94°C — 3.5 мин; 94°C — 30 с, 62°C — 30 с, 72°C — 30 с — 32 цикла; 72°C — 3 мин. В результате фрагменты, которые амплифицировались с участка гена каппа-казеина варианта *A*, расщеплялись эндонуклеазой HinfI (№ E076, НПО “СибЭнзим”) на три фрагмента: 326, 100 и 27 пн. Фрагмент, амплифицированный с аллеля *B*, расщеплялся на 2 фрагмента: 426 и 27 пн. Результаты рестрикции оценивали в 2.0%-ном агарозном геле.

Фактические частоты встречаемости отдельных генотипов определяли путем соотношения количества особей носителей генотипа к общему количеству особей в анализируемой группе.

Для подсчета частот аллелей использовали формулу

$$P = (2N1 + N2) / 2n,$$

где $N1$ — число гомозигот по исследуемому аллелю, а $N2$ — число гетерозигот, n — объем выборки.

Наблюдаемую и ожидаемую гетерозиготность, индекс фиксации Райта рассчитывали следующим образом:

$$H_o = h_j / n,$$

где H_o — наблюдаемая гетерозиготность по одному локусу, h_j — количество гетерозиготных гено-

типов в локусе, n — общее количество генотипов в локусе;

$$H_e = 1 - \sum p_i^2,$$

где H_e — ожидаемая гетерозиготность по одному локусу, p_i — частота встречаемости i -го аллеля;

$$F_{IS} = (H_e - H_o)/H_e,$$

где F_{IS} — индекс фиксации Райта, H_e — ожидаемая гетерозиготность, H_o — наблюдаемая гетерозиготность.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

Анализ частоты встречаемости гомозиготных вариантов микросателлитных локусов (*BM1818*, *BM1824*, *BM2113*, *ETH10*, *ETH225*, *ETH3*, *INRA023*, *SPS115*, *TGLA126*, *TGLA122*, *TGLA227*, *TGLA53*) в выборках животных айрширской, джерсейской и голштинской пород показал, что количество гомозиготных генотипов оказалось в целом выше у особей джерсейской породы. В среднем частота встречаемости гомозиготных генотипов по 12 локусам у джерсейского скота составила 0.38, у голштинского и айрширского — 0.30 и 0.27 соответственно (табл. 1).

У представителей всех трех пород отмечен достаточно высокий процент встречаемости гомозиготных по локусу *TGLA126* животных. Однако у голштинов и джерсеев такие животные несли преимущественно генотип 117*117, а гомозиготные по *TGLA126* айрширы — 115*115.

Установить связь между индивидуумами отдельной субпопуляции и субпопуляцией в целом позволяет индекс фиксации Райта (F_{IS}). Он количественно отражает отклонение частот встречаемости гетерозиготных генотипов от теоретически ожидаемой по Харди–Вайнбергу доли гетерозигот при случайном спаривании внутри популяции и может рассматриваться в качестве одного из критериев инбредности популяции. При этом положительное значение F_{IS} означает нехватку гетерозигот в данной популяции, в то время как отрицательное значение указывает на их избыток.

В исследуемой выборке джерсейского скота, несмотря на более высокий уровень гомозиготности, в среднем наблюдался минимальный избыток гетерозигот ($F_{IS} = -0.03$), в выборке айрширского — минимальный недостаток ($F_{IS} = 0.01$) (табл. 1).

Наиболее высокое аллельное разнообразие оказалось у голштинского скота. Так, среднее

Таблица 1. Структура субпопуляций крупного рогатого скота джерсейской, айрширской и голштинской пород по гомо- и гетерозиготности микросателлитных локусов

Микросателлитные локусы	Частота встречаемости локусов у животных					
	джерсейской породы (n = 1000)		айрширской породы (n = 1000)		голштинской породы (n = 1000)	
	гетерозиготные	гомозиготные	гетерозиготные	гомозиготные	гетерозиготные	гомозиготные
BM1818	0.74	0.26	0.81	0.19	0.63	0.37
BM1824	0.55	0.45	0.74	0.26	0.76	0.24
BM2113	0.34	0.66	0.88	0.12	0.74	0.26
ETH10	0.70	0.30	0.83	0.17	0.78	0.22
ETH225	0.67	0.33	0.83	0.17	0.67	0.33
ETH3	0.51	0.49	0.79	0.21	0.67	0.33
INRA023	0.73	0.27	0.68	0.32	0.66	0.34
SPS115	0.56	0.44	0.42	0.58	0.60	0.40
TGLA126	0.55	0.45	0.57	0.43	0.53	0.47
TGLA122	0.70	0.30	0.80	0.20	0.78	0.22
TGLA227	0.75	0.25	0.58	0.42	0.77	0.23
TGLA53	0.69	0.31	0.78	0.22	0.86	0.14
В среднем по 12 локусам	0.62 ± 0.07	0.38 ± 0.07	0.73 ± 0.07	0.27 ± 0.08	0.70 ± 0.05	0.30 ± 0.05
H_o (наблюдаемая гетерозиготность)	0.62		0.73		0.70	
H_e (ожидаемая гетерозиготность)	0.60		0.74		0.70	
F_{IS}	-0.03		0.01		0.00	

количество аллелей на локус у джерсеев составило 5.8 ± 0.8 , у айрширов — 7.8 ± 0.9 , а у голштинов — 9.0 ± 1.7 (табл. 2).

Однако число информативных аллелей (т.е. встречающихся с частотой от 5% и выше) оказалось схоже в выборках джерсейского и голштинского скота (3.8 и 3.9 соответственно) и было значительно выше в выборке айрширского скота и составило 6.5 ± 0.7 аллелей на локус. На наш взгляд объяснить этот факт можно тем, что группы голштинского и джерсейского скота в представленных хозяйствах были сформированы преимущественно завезенными из-за рубежа чистопородными голштинскими или джерсейскими животными, а группа айрширских — путем погложительного скрещивания (улучшаемая порода — красная степная, а улучшающая — айрширская).

Таблица 2. Характеристика аллелофонда по 12 микросателлитным локусам у животных джерсейской, айрширской и голштинской пород

Микросателлитные локусы	Джерсейская (<i>n</i> = 1000)		Айрширская (<i>n</i> = 1000)		Голштинская (<i>n</i> = 1000)	
	<i>N_a</i>	<i>N_a</i> > 5%	<i>N_a</i>	<i>N_a</i> > 5%	<i>N_a</i>	<i>N_a</i> > 5%
<i>BM1818</i>	6	5	7	6	7	3
<i>BM1824</i>	5	3	6	5	5	4
<i>BM2113</i>	6	3	6	6	8	4
<i>ETH10</i>	6	4	8	6	8	4
<i>ETH225</i>	5	4	7	7	7	4
<i>ETH3</i>	4	2	7	6	8	4
<i>INRA023</i>	7	3	9	7	12	4
<i>SPS115</i>	6	4	6	6	7	3
<i>TGLA126</i>	4	4	7	5	7	2
<i>TGLA122</i>	7	4	11	7	14	4
<i>TGLA227</i>	9	5	9	9	11	4
<i>TGLA53</i>	5	4	10	8	14	7
Число аллелей на локус в среднем	5.8±0.8	3.8±0.5	7.8±0.9	6.5±0.7	9.0±1.7	3.9±0.7

Примечание. *N_a* — число аллелей на локус; *N_a* > 5% — число информативных аллелей.

Аллельные варианты исследуемых локусов и их встречаемость в группах джерсейского, айрширского и голштинского скота представлены для наглядности в виде диаграмм (рис. 1) и в табл. 3. Абсолютные значения встречаемости каждого из аллельных вариантов отражены на оси Y.

У голштинских животных выявлены аллельные варианты, которые не встречались у джерсейского и айрширского скота: для локуса *ETH3* — 129 (0.30), для локуса *INRA023* — 202 (0.18), для *TGLA 227* — 99 (0.09, для *TGLA53* — 176 (0.08), 184 (0.08) и 186 (0.10).

Установлено, что уникальными для представленной выборки джерсейской породы является аллель 101 локуса *TGLA227* с частотой встречаемости 0.06, аллель 261 локуса *SPS115* (частота встречаемости 0.05) и аллель 198 локуса *INRA023* (0.21).

Уникальными для айрширских животных являются аллели 184 локуса *BM1824* (0.05) и 178 локуса *TGLA53* (распространен с частотой 0.08).

С самой высокой частотой в группе особей джерсейской породы встретился аллель 135 локуса *BM2113* (частота встречаемости 0.81), у айрширских животных — аллель 115 локуса *TGLA126* — с частотой 0.58; у животных голштинской породы — аллель 117 локуса *TGLA126* (частота встречаемости 0.64).

Типичными для голштинского скота и малораспространенными (либо не встречающимися) у представителей айрширской и джерсейской пород являются аллели 129 локуса *ETH3*, 176, 184, 186 локуса *TGLA53*.

Типичным для джерсейского скота оказался аллель 198 локуса *INRA023*.

Следует отметить значительные отличия микросателлитного профиля айрширского скота. Для айрширских животных типичными (но малораспространенными у джерсеев и голштинов) оказались аллели 270 локуса *BM1818*, 137 локуса *BM2113*, 213 локуса *ETH10*, 119 локуса *ETH3*, 142 локуса *ETH225*, 87 локуса *TGLA227*, 166 локуса *TGLA53*. Интересно, что айрширская порода значительно отличается по частотам встречаемости аллельных вариантов и других полиморфных локусов [13,14].

Полученные закономерности по частотам встречаемости и видовому разнообразию аллелей у голштинского скота нашей выборки сходны с таковыми у голштинизированного крупного рогатого скота Урала [15].

Как нам представляются практические возможности использования полученных данных? Например, ряд айрширских стад в нашем крае голштинизируется. Считается, что пятое поколение, полученное от чистопородных голштинских быков, — это чистопородные голштинские

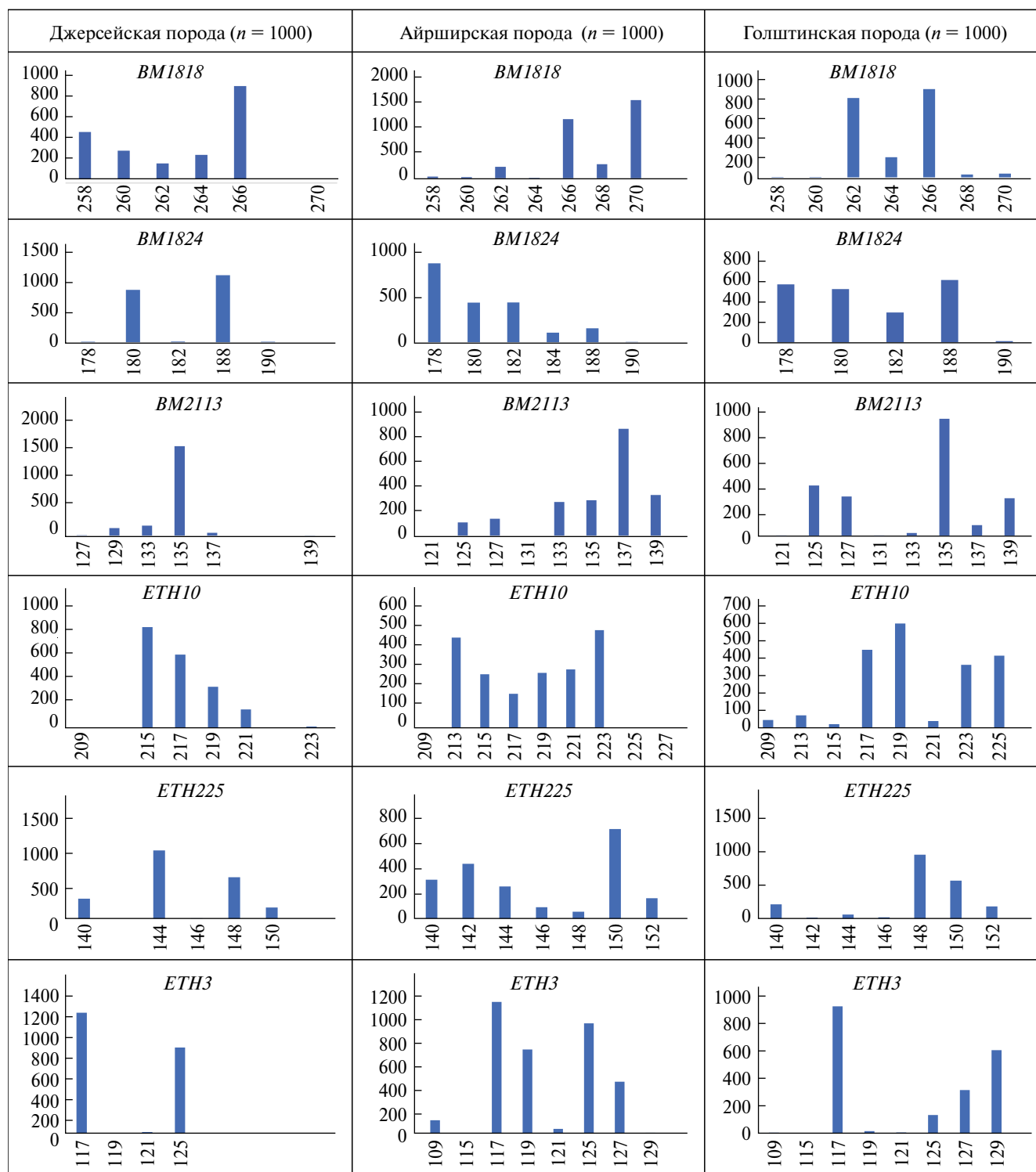


Рис. 1. Аллельные варианты микросателлитных локусов (ось X) и их количество (ось Y) в выборках крупного рогатого скота

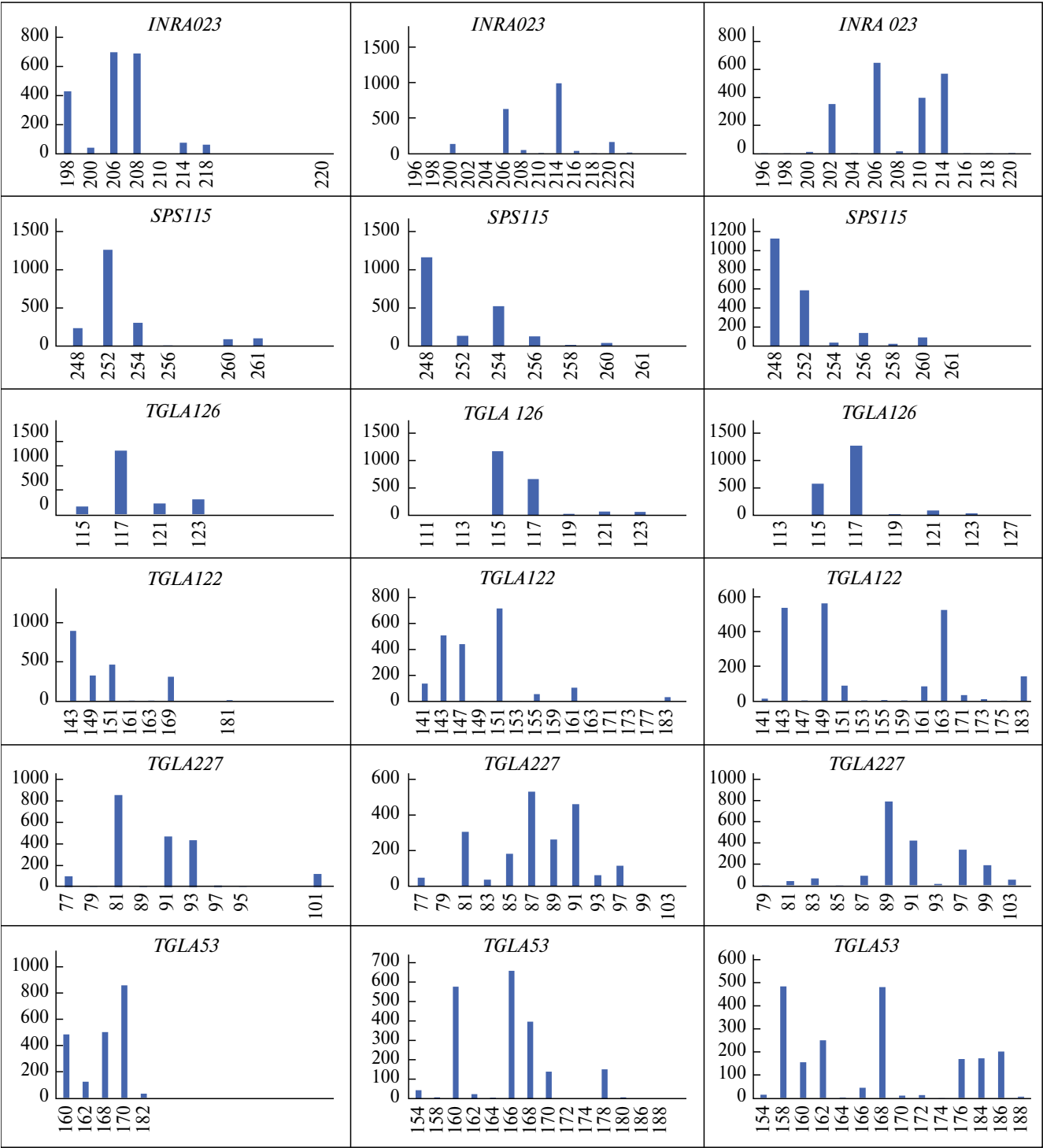


Рис. 1. (Окончание.) Аллельные варианты микросателлитных локусов (ось X) и их количество (ось Y) в выборках крупного рогатого скота

Таблица 3. Частота встречаемости аллелей микросателлитных локусов в субпопуляциях айрширского, голштинского и джерсейского скота

Локус	Аллельный вариант	Джерсейский	Айрширский	Голштинский	Локус	Аллельный вариант	Джерсейский	Айрширский	Голштинский
<i>BM1818</i>	258	0.23	0.01	—	<i>SPS 115</i>	210	0.00	0.00	0.20
	260	0.14	0.01	—		214	0.04	0.49	0.28
	262	0.07	0.07	0.41		216	—	0.02	—
	264	0.12	0.00	0.10		218	0.03	—	—
	266	0.45	0.36	0.45		220	—	0.08	—
	268	—	0.08	0.02		222	—	0.01	—
	270	0.00	0.47	0.02		248	0.12	0.58	0.56
<i>BM1824</i>	178	0.00	0.43	0.28		252	0.63	0.07	0.29
	180	0.43	0.22	0.26		254	0.15	0.26	0.02
	182	0.01	0.22	0.15		256	—	0.06	0.07
	184	—	0.05	—		258	—	0.01	0.01
	188	0.55	0.08	0.31		260	0.05	0.02	0.05
<i>BM2113</i>	190	0.00	0.00	0.01	<i>TGLA 126</i>	261	0.05	—	—
	121	—	—	—		115	0.08	0.58	0.29
	125	—	0.05	0.20		117	0.66	0.33	0.64
	127	—	0.07	0.15		119	—	0.01	0.01
	131	0.07	—	—		121	0.11	0.04	0.04
	133	0.09	0.14	0.01	<i>TGLA 122</i>	123	0.15	0.03	0.02
	135	0.81	0.14	0.46		141	—	0.07	0.01
<i>ETH10</i>	137	0.03	0.43	0.04		143	0.45	0.25	0.27
	139	—	0.17	0.15		147	—	0.22	—
	209	—	—	0.02		149	0.16	—	0.28
	213	—	0.23	0.04		151	0.23	0.36	0.04
	215	0.43	0.14	0.01		155	—	0.03	—
	217	0.31	0.09	0.22	<i>TGLA 227</i>	161	0.00	0.05	0.04
	219	0.18	0.14	0.30		163	0.00	0.00	0.26
	221	0.08	0.15	0.02		169	0.15	—	—
	223	0.01	0.25	0.18		171	—	—	0.02
	225	—	—	0.21		183	—	0.02	0.07
<i>ETH225</i>	140	0.14	0.15	0.11		77	0.05	0.02	—
	142	—	0.22	0.01		81	0.43	0.15	0.02
	144	0.49	0.13	0.03		83	—	0.02	0.03
	146	0.00	0.04	0.01		85	—	0.09	—
	148	0.29	0.03	0.48		87	—	0.27	0.05
	150	0.08	0.35	0.28		89	0.00	0.13	0.40
<i>ETH3</i>	152	—	0.08	0.09		91	0.24	0.23	0.20
	109	—	0.03	0.00	<i>TGLA 53</i>	93	0.22	0.03	0.01
	117	0.58	0.33	0.46		95	0.01	—	—
	119	0.00	0.21	0.01		97	0.01	0.06	0.16
	121	0.01	0.01	—		99	—	—	0.09
	125	0.41	0.28	0.07		101	0.06	—	—
	127	—	0.13	0.16		103	—	—	0.03
	129	—	—	0.30		154	—	0.02	0.01
	198	0.21	—	—		158	—	—	0.23
<i>INRA023</i>	200	0.02	0.07	0.01		160	0.24	0.29	0.08
	202	—	—	0.18		162	0.05	0.02	0.13
	206	0.35	0.31	0.32		166	—	0.34	0.02
	208	0.34	0.02	0.01		168	0.25	0.20	0.24

Таблица 3. Окончание

Локус	Аллельный вариант	Джерсейский	Айрширский	Голштинский
	170	0.43	0.07	0.01
	172	—	—	0.01
	176	—	—	0.08
	178	—	0.08	—
	182	0.02	—	—
	184	—	—	0.08
	186	—	—	0.10

Таблица 4. Частота встречаемости генотипов и аллелей по локусам *CSN2* и *CSN3* у крупного рогатого скота голштинской, айрширской и джерсейской пород

Локус	Генотип/аллель	Джерсейская (<i>n</i> = 1000)	Айрширская (<i>n</i> = 1000)	Голштинская (<i>n</i> = 1000)
<i>CSN2</i>	<i>A1A1</i>	0.02	0.24	0.19
	<i>A1A2</i>	0.30	0.51	0.50
	<i>A2A2</i>	0.68	0.25	0.31
	<i>A1</i>	0.18	0.49	0.44
	<i>A2</i>	0.82	0.51	0.56
<i>CSN3</i>	<i>AA</i>	0.01	0.57	0.33
	<i>AB</i>	0.23	0.39	0.52
	<i>BB</i>	0.76	0.04	0.15
	<i>A</i>	0.13	0.77	0.59
	<i>B</i>	0.87	0.23	0.41

животные. Никаких анализов это подтверждающих не производится. Возможно, что наши исследования позволят в дальнейшем разработать доступную методику оценки чистопородности в подобных ситуациях.

Кроме того, проведено генотипирование выборок голштинского (*n* = 1000), айрширского (*n* = 1000) и джерсейского (*n* = 1000) скота по локусам *CSN2* и *CSN3*.

Полученные результаты по частотам встречаемости генотипов и аллелей по *CSN2* и *CSN3* представлены в табл. 4.

Анализ данных табл. 4 показывает, что если оценивать субпопуляции животных джерсейской, айрширской и голштинской пород с позиций перспектив селекции по локусам *CSN2* и *CSN3* (считая предпочтительными вариант *A2A2* локуса *CSN2* и вариант *BB* локуса *CSN3*) то проще всего добиться значимого результата с группой животных джерсейской породы. Так, в изученной субпопуляции джерсейского скота частота встречаемости генотипа *A2A2* локуса

CSN2 составила 0.68, а в группах айрширского и голштинского лишь 0.25 и 0.31 соответственно. Генотип *BB* локуса *CSN3* встречался в джерсейской группе животных с частотой 0.76, а у айрширов и голштинов — 0.04 и 0.15 соответственно.

Сравнение полученных результатов с результатами исследований других авторов [9] показало, что субпопуляции юга России соответствуют у голштинской породы субпопуляции голштинской породы США (частота встречаемости аллеля *A1* локуса *CSN2* в ней — 0.42), у айрширской породы — субпопуляции Финляндии (0.50), а у генотипированной группы джерсейской породы частота встречаемости аллеля *A1* оказалась выше (составила 0.18), чем в группе животных джерсейской породы США (0.02) [9].

Проведенное исследование показывает, что ограничиться подбором быков с гомозиготным генотипом (например, *A2A2* или *A2A2 BB*) как стратегии создания стад — продуцентов молока желательного типа, можно только у джерсейских животных.

В голштинских и айрширских стадах нежелательные аллели *A1 CSN2* и *A CSN3* будут встречаться с достаточно высокой частотой в четырех—пяти следующих поколениях. А ограничение выбора быков-производителей быками с генотипами *A2A2* и *BB* значительно сузит спектр производителей и приведет к потере других хозяйственно полезных признаков. У голштинских и айрширских животных правильная стратегия, на наш взгляд, — отбор животных с желательными генотипами, выделение их в отдельные группы, получение и переработка продукции именно от этих животных.

Следует отметить, что в мире нет единого мнения по поводу вредности молока типа *A1* [9, 10]. Несмотря на это, селекционные программы в некоторых странах (например, Германии, США) направлены на элиминацию аллеля *A1* локуса *CSN2* из генотипа молочного скота.

Генотипированные группы джерсейских, айрширских и голштинских животных достаточны по объему, поэтому с большой степенью вероятности можно утверждать, что выявленные закономерности характерны для скота указанных пород на юге России (Ставропольский, Краснодарский край). Полученные данные можно использовать в исследовательской работе по отнесению тех или иных групп скота к типичным

голштинским, айрширским или джерсейским группам и при создании стад — продуцентов молока определенного типа (например, молока типа A2).

Работа выполнена при поддержке Государственного задания и внебюджетных хозяйственных средств. Номер регистрации темы “Разработать эффективные селекционные и биотехнологические методы сохранения и совершенствования существующих пород, создания новых типов и линий для рентабельного производства продукции в условиях современной технологии содержания и полноценного питания сельскохозяйственных животных” 0688-2019-0017.

Все применимые международные, национальные и/или институциональные принципы ухода и использования животных были соблюдены.

Авторы заявляют, что у них нет конфликта интересов.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Волкова В.В., Денискова Т.Е., Костюнина О.В. и др. Характеристика аллелофонда локальных пород крупного рогатого скота России по микросателлитным маркерам // Генетика и разведение животных. 2018. № 1. С. 3–10. <https://doi.org/10.31043/2410-2733-2018-1-3-10>
2. Киселева Т.Ю., Kantanen J., Воробьев Н.И. и др. Неравновесие по сцеплению микросателлитных локусов у шести локальных популяций крупного рогатого скота // Генетика. 2014. Т. 50. № 4. С. 464–473. <https://doi.org/10.1134/S1022795414040048>
3. Кольцов Д.Н., Волкова В.В., Гладырь Е.А. и др. Характеристика аллелофонда сычевской породы крупного рогатого скота по ДНК микросателлитам // Достижения науки и техники АПК. 2012. № 8. С. 56–57
4. Стрекозов Н.И., Зиновьева Н.А., Горелов П.В. и др. Генетическая характеристика созданных типов скота бурой швицкой и сычевской пород с использованием полиморфизма микросателлитных локусов // С.-х. биология. 2009. Т. 44. № 2. С. 10–15.
5. Li Y., Liu L., Zunongjiang A. et al. Analysis of the relationship between short tandem repeats and lactation performance of Xinjiang Holstein cows // Trop. Anim. Health Prod. 2023. V. 55(4). P. 238. <https://doi.org/10.1007/s11250-023-03651-y>
6. Prinzenberg E.M., Jianlin H., Erhardt G. Genetic variation in kappa-casein gene (CSN3) of Chinese yak (*Bos grunniens*) and phylogenetic analysis of CSN3 sequences in the genus *Bos* // J. Dairy Sci. 2008. V. 91(3). P. 1198–1203. <https://doi.org/10.3168/jds.2007-0746>
7. Heck J.M., Schennink A., Van Valenberg H.J. et al. Effects of milk protein variants on the protein composition of bovine milk // J. Dairy Sci. 2009. № 92. P. 1192–1202. <https://doi.org/10.3168/jds.2008-1208>
8. Kruchinin A.G., Illarionova E.E., Galstyan A.G. et al. Effect of CSN3 gene polymorphism on the formation of milk gels induced by physical, chemical, and biotechnological factors // Foods. 2023. V. 12(9). <https://doi.org/10.3390/foods12091767>
9. Demirel A.F. Discussions of effect A1 and A2 milk beta-casein gene on health // Appr. in Poultry, Dairy & Veterinary Sci. 2018. V. 3. <https://doi.org/10.31031/APDV.2018.03.000556>
10. Jaiswal K.P., De S., Sarsavan A. Review on bovine beta-casein (A1,A2) gene polymorphism and their potentially hazardous on human health // Int. J. Environment & Animal Conservation. 2014. V. 3(1). P. 1–12. <https://doi.org/10.31031/APDV.2018.03.000556>
11. Ковалюк Н.В., Сацук В.Ф., Ковалюк М.А., Мачульская Е.В. Селекция крупного рогатого скота по гену бета-казеина в Краснодарском крае // Генетика и разведение животных. 2019. № 1. С. 22–27. <https://doi.org/10.31043/2410-2733-2019-1-22-26>
12. Barroso A., Dunner S., Canon J. Technical note: Detection of bovine kappa-casein variants A, B, C, and E by means of polymerase chain reaction-single strand conformation polymorphism (PCR-SSCP) // J. Anim. Sci. 1998. № 76. P. 1535–1538. <https://doi.org/10.2527/1998.7661535x>
13. Ковалюк Н.В., Сацук В.Ф., Волченко А.Е. Изменчивость гена BoLADRB3 у крупного рогатого скота молочного направления продуктивности и его влияние на параметры жизнеспособности // Генетика. 2012. Т. 48. № 8. С. 962–965. <https://doi.org/10.1134/S1022795412070083>
14. Ковалюк Н.В., Сацук В.Ф., Мачульская Е.В., Шахназарова Ю.Ю. Возможные причины и последствия распространения отдельных аллельных вариантов локуса LEP в группах айрширского и голштинского скота // Генетика. 2018. № 12. С.1–6. <https://doi.org/10.1134/S0016675818120068>
15. Шаталина О.С., Ткаченко И.В., Ярышкин А.А. Генетическая структура популяции голштинизированного черно-пестрого скота по микросателлитным локусам // Генетика. 2021, Т. 57. № 2. С. 205–213. <https://doi.org/10.31857/S0016675821020090>

STRUCTURE OF SUBPOPULATIONS OF AIRESHIRE, HOLSTIN AND JERSEY CATTLE IN THE SOUTHERN REGIONS OF RUSSIA BY *CSN2* (RS43703011), *CSN3* (RS43703016) AND MICROSATELLITE LOCUSES (*BM1818*, *BM1824*, *BM2113*, *ETH10*, *ETH225*, *ETH3*, *INRA023*, *SPS115*, *TGLA126*, *TGLA122*, *TGLA227*, *TGLA53*)

N. V. Kovalyuk¹, *, A. E. Volchenko¹, E. V. Shiryaeva¹, L. I. Yakusheva¹, Yu. Yu. Shakhnazarova¹

¹*Krasnodar Scientific Center for Animal Science and Veterinary Medicine, Krasnodar, 350055 Russia*

**e-mail: NVK1972@yandex.ru*

During studies using molecular biological methods, the following loci were genotyped: *BM1818*, *BM1824*, *BM2113*, *ETH10*, *ETH225*, *ETH3*, *INRA023*, *SPS115*, *TGLA126*, *TGLA122*, *TGLA227*, *TGLA53*, *CSN2* (rs43703011) and *CSN3* (rs43703016) 3000 cow blood samples Ayrshire, Holstein and Jersey breeds from the herds of the Krasnodar and Stavropol territories. On average, the frequency of occurrence of homozygous genotypes for 12 microsatellite loci in Jersey cattle was 0.38, in Holstein and Ayrshire cattle – 0.30 and 0.27, respectively; the highest allelic diversity was found in Holstein cattle (9.0 ± 1.7 alleles per locus). It should be noted that there are significant differences in the genetic profile of Ayrshire cattle. For Ayrshire animals, the following alleles turned out to be typical (but rare in Jersey and Holstein cattle): 270 locus *BM1818*, 137 locus *BM2113*, 213 locus *ETH10*, 119 locus *ETH3*, 142 locus *ETH225*, 87 locus *TGLA227*, 166 locus *TGLA53*. In the studied subpopulation of Jersey cattle, the frequency of occurrence of the *A2A2* genotype of the *CSN2* locus (rs43703011) (beta casein) was 0.68, and in the Ayrshire and Holstein groups it was only 0.25 and 0.31, respectively. The *BB* genotype of the *CSN3* locus (rs43703016) (casein kappa) was found in the Jersey group of animals with a frequency of 0.76, and in Ayrshires and Holsteins – 0.04 and 0.15, respectively. The genotyped groups of Jersey, Ayrshire and Holstein animals are significant in volume; we assume that the identified patterns are typical for cattle of these breeds in the south of Russia. We believe that the data obtained can be used in the future in practical work on classifying certain groups of livestock as typical Holstein, Ayrshire or Jersey and when creating herds that produce milk of a certain type (for example, type A2 milk).

Keywords: Holstein, Ayrshire, Jersey cattle, microsatellite loci, *CSN2*, *CSN3*.