

УДК 636.22/.28.082.13:636.082.11

DOI: 10.33284/2658-3135-103-3-114

Оценка взаимосвязи послеубойных качеств животных крупного рогатого скота с наличием полиморфизмов LEP 528C/T и LEP 73C/T

*Н.П. Герасимов, В.И. Колпаков, Д.Б. Косян, М.Ю. Сыромятников, О.В. Кван, Е.А. Русакова
Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий Российской академии наук» (г. Оренбург)*

Аннотация. Аллели генов лептина могут рассматриваться в качестве потенциальных маркеров молочной и мясной продуктивности крупного рогатого скота в связи с их участием в энергетическом гомеостазе и репродуктивной регуляции. Целью наших исследований являлась оценка взаимосвязи убойных качеств животных крупного рогатого скота абердин-ангусской породы с наличием полиморфизмов LEP 528C/T и LEP 73C/T. После генотипирования коров и тёлочек абердин-ангусской породы группировали в соответствии с генотипами. При анализе полиморфизма LEP 528C/T установлено значительное распространение в популяции послеубойной гетерозиготных особей как среди молодняка (50,0 %), так и у половозрелого контингента маточного стада (53,3 %). Желательный генотип (ТТ*) среди коров выявлен у 10,0 %, а среди тёлочек – 24,0 %. Распределение отдельных генотипов в отношении полиморфизма гена LEP 73C/T среди всех половозрелых групп подтвердили существенную долю в стаде гетерозиготных животных. Гетерозиготные генотипы тёлочек при нуклеотидных заменах в разных регионах отличались повышенным уровнем мясной продуктивности. Они превосходили сверстниц на 16,3-30,4 кг (3,01-5,76 %; $P \geq 0,05$) и 9,1-14,2 кг (1,67-2,63 %; $P \geq 0,05$) по предубойной массе, а по массе туши – на 8,3-9,8 кг (2,64-3,14 %; $P \geq 0,05$) и 2,4-2,7 кг (0,76-0,85 %; $P \geq 0,05$) соответственно при полиморфизме LEP 528C/T и LEP 73C/T. В свою очередь, желательная мутация в гомозиготной форме (ТТ) при полиморфизме LEP 528C/T у коров способствовала максимальной выраженности живой массы, массы и выхода туши у их носителей. Напротив, в отношении полиморфизма LEP 73C/T коровы с генотипом ТТ характеризовались минимальными показателями продуктивности.

Ключевые слова: мясной скот, абердин-ангусская порода, коровы, тёлки, полиморфизм, LEP, выход мяса.

UDC 636.22/.28.082.13:636.082.11

Assessment of the relationship between postmortem qualities of cattle with the presence of polymorphisms LEP 528C/T and LEP 73C/T

*Nikolai P Gerasimov, Vladimir I Kolpakov, Dianna B Kosyan, Mikhail Yu Syromyatnikov,
Olga V Kwan, Elena A Rusakova
Federal Research Centre for Biological Systems and Agricultural Technologies of the Russian Academy of Sciences (Orenburg, Russia)*

Summary. Alleles of leptin genes can be considered as potential markers of milk and meat productivity in cattle due to their participation in energy homeostasis and reproductive regulation. The aim of our research was to assess the relationship between the slaughter qualities of cattle of the Aberdeen-Angus breed with the presence of the LEP 528C/T and LEP 73C/T polymorphisms. After genotyping, Aberdeen-Angus cows and heifers were grouped according to genotypes. Analyzing the LEP 528C/T polymorphism, a significant distribution of heterozygous individuals in the post-slaughter population was found both among young animals (50.0%) and among the aged contingent of broodstock (53.3%). The desired genotype (ТТ *) was found among cows in 10.0%, and among heifers - in 24.0%. The distribution of individual genotypes in relation to the LEP 73C / T gene polymorphism among all age and sex groups confirmed a significant proportion of heterozygous animals in the herd. Heterozygous genotypes of heifers with nucleotide substitutions in different regions were distinguished by an increased level of meat productivity. They exceeded

their peers by 16.3-30.4 kg (3.01-5.76%; $P \geq 0.05$) and 9.1-14.2 kg (1.67-2.63%; $P \geq 0.05$) by pre-slaughter weight, and by carcass weight - by 8.3-9.8 kg (2.64-3.14%; $P \geq 0.05$) and 2.4-2.7 kg (0.76 -0.85%; $P \geq 0.05$), respectively, with LEP 528C/T and LEP 73C/T polymorphism. In turn, the desired mutation in homozygous form (TT) in the LEP 528C/T polymorphism in cows contributed to the maximum expression of live weight, weight and carcass yield in their carriers. In contrast, with respect to the LEP 73C/T polymorphism, cows with the TT genotype were characterized by the minimum performance indicators.

Key words: beef cattle, Aberdeen-Angus, cows, heifers, polymorphism, LEP, meat yield.

Введение.

В последние годы изучение генетического полиморфизма стало одним из актуальных направлений как фундаментальной генетики, так и прикладных исследований. Для повышения эффективности селекции сельскохозяйственных животных успешно используют целый ряд разработок в этой области. Известно, что у медленно размножающихся животных можно судить об их генетике путём изучения генетического полиморфизма без проведения гибридологических скрещиваний. Этим и обусловлен повышенный интерес исследователей к этой области (Kmieć M et al., 2006; Бейшова И.С. и др., 2017).

Отечественными и зарубежными учёными проведены исследования взаимодействия различных признаков животных с однонуклеотидными полиморфизмами. Аллели генов лептина, тиреоглобулина, соматотропина, пролактина могут рассматриваться в качестве потенциальных маркеров молочной и мясной продуктивности крупного рогатого скота (Хабибрахманова Я.А., 2009; Yu L et al., 2011). Особое внимание в исследованиях уделено изучению гена лептина в связи с его участием в энергетическом гомеостазе и репродуктивной регуляции у млекопитающих (Szyda J et al., 2011).

Как известно, мясная продуктивность животных и качественные характеристики мяса зависят от многих факторов: породы и генетического потенциала, условий содержания и кормления, возраста убоя и способа хранения мяса (Calus MPL et al., 2015; Adam A et al., 2015; Durán Aguilar M et al., 2017; Broderick GA, 2018). В качестве потенциального маркера молочной и мясной продуктивности крупного рогатого скота могут рассматриваться аллели гена лептина LEP (Giblin L et al., 2010; Carvalho ThD et al., 2012; Aviles C et al., 2015).

Цель исследования.

Оценить взаимосвязь послеубойных качеств животных крупного рогатого скота абердин-ангусской породы с наличием полиморфизмов LEP 528C/T и LEP 73C/T.

Материалы и методы исследования.

Объект исследования. Клинически здоровые коровы (n=30) и тёлки (n=50) абердин-ангусской породы.

Обслуживание животных и экспериментальные исследования были выполнены в соответствии с инструкциями и рекомендациями Russian Regulations, 1987 (Order No. 755 on 12.08.1977 the USSR Ministry of Health) и «The Guide for Care and Use of Laboratory Animals (National Academy Press Washington, D.C. 1996)». При выполнении исследований были предприняты усилия, чтобы свести к минимуму страдания животных и уменьшения количества используемых образцов.

Схема эксперимента. Экспериментальная часть работы выполнялась на фидлоте и мясокомбинате ГК «Заречное» (Рамонский район, Воронежская область, Россия). ДНК из цельной крови животных изолировали с помощью коммерческого набора Проба-ГС (ДНК-технология, Россия) согласно инструкции (https://www.dna-technology.ru/files/images/instructions_rus/110-2_PROBA-GS_k_rus_19.10.10.pdf). Качество выделенной ДНК оценивали с помощью электрофореза в 1,5 % агарозном геле.

Количественную полимеразную цепную реакцию проводили на Bio-Rad CFX 96 (Bio-rad, USA). Смешивали в пробирке 0,2 мл следующие компоненты: готовая смесь для ПЦР qPCRmix-HS

(Евроген, Россия) – 5 мкл, 5 мкМ прямой праймер – 1 мкл; 5 мкМ обратный праймер – 1 мкл; 5 мкМ каждого из двух зондов – 1 мкл; ДНК матрица – 2 мкл; деионизованная вода – до 25 мкл. ПЦР проводили по следующему протоколу: первоначальный прогрев – +37 °С в течение 5 мин; денатурация – при +94 °С в течение 5 мин; далее 40 циклов: +94 °С – 15 с; +60 °С – 1 мин.

Для генотипирования SNP использовали как известные последовательности праймеров и зондов, опубликованные ранее, так и разработанные нами праймеры и зонды:

1. Для идентификации SNP в позиции 528 экзона 2 промотора бычьего лептина (Nkrumah JD et al., 2005) использовали разработанные ранее нуклеотидные последовательности праймеров и зондов:

Прямой: AGGTGCCCAGGGACTCA;

Обратный: CAACAAAGGCCGTGTGACA;

Зонд 1: FAM-CAAGCTCTAGAGCCTGTGT-BHQ1.

Зонд 2: HEX-AAGCTCTAGAGCCTATGT-BHQ1.

2. Для идентификации SNP 73С/Т экзона 2 промотора бычьего лептина (Buchanan F.C. et al., 2002) использовали разработанные нами праймеры и зонды:

Прямой: GGACCCCTGTWTCGATTCCT;

Обратный: TGTCTTGATGAGGGTTTTGG;

Зонд 1: FAM-CTGTGCCCATCCGCAAGGTCCA-BHQ1.

Зонд 2: HEX-CTGTGCCCATCTGCAAGGTCCA-BHQ1.

Совпадение последовательности зонда и целевой последовательности ДНК приводит к амплификации, во время которой происходит расщепление и высвобождение репортерного красителя. Существенное увеличение сигнала флуоресценции для одного или другого из двух красителей указывает на гомозиготность по определённому аллелю, тогда как увеличение флуоресценции обоих красителей указывает на гетерозиготность аллеля.

Оборудование и технические средства. Электронные весы «ВСП4 1000.2 А9 1515» (Россия) для взвешивания животных. Для выделения ДНК из лейкоцитов использовали набор реагентов «DIAtom™DNAprep 200» (IsoGeneLab, Москва). Для проведения полимеразной цепной реакции использовали набор GenePak™PCRCore (IsoGeneLab, Москва), термоциклер Bio-Rad CFX 96 («BioRad», США), трансиллюминатор «UVT-1» («Биоком», Россия), гель-документирующая система «VITranv.1.0».

Статистическая обработка. При обработке экспериментальных данных использовали методы вариационной статистики с помощью офисного программного комплекса «Microsoft Office» с применением программы «Excel» («Microsoft», США) с обработкой данных в «Statistica 10.0» («Stat Soft Inc.», США).

Результаты исследований.

Анализ частоты встречаемости полиморфизма гена LEP 528С/Т показал, что животных, имеющих желательный генотип (ТТ*), среди коров выявлено 10,0 %, а среди тёлочек – 24,0 % (табл. 1). Следует отметить значительное распространение в популяции гетерозиготных особей как среди молодняка (50,0 %), так и у половозрелого контингента маточного стада (53,3 %). Согласно данным по частоте встречаемости аллелей установлено довольно равномерное распределение альтернативных форм. При этом некоторое большинство в стаде составляли носители аллеля С: среди коров – 0,63, а среди тёлочек – 0,51.

Результаты анализа по распределению полиморфизма гена LEP 73С/Т среди всех половозрелых групп подтвердили существенную долю в стаде гетерозиготных животных. Коровы этого генотипа встречались с частотой 50 %, среди тёлочек этот показатель составлял 34,3 %. Доля животных с желательным генотипом (ТТ) занимала 33,3 % у коров и 32,0 % – у тёлочек. Расчёт частоты распределения аллелей показал, что среди коров данный показатель выше у аллели Т (0,62), напротив, среди тёлочек основное большинство относилось к носителям аллеля С (0,51).

Таблица 1. Генетическая характеристика коров и тёлочек абердин-ангусской породы
Table 1. Genetic characteristics of Aberdeen-Angus cows and heifers

Группа/Group	n	Распределение генотипов/ Distribution of genotypes						Распределение аллелей/ Distribution of alleles	
		СС		СТ		ТТ*		С	Т
		n	%	n	%	n	%		
LEP 528C/T									
Коровы/Cows	30	11	36,7	16	53,3	3	10,0	0,63	0,37
Тёлки/Heifers	50	13	26,0	25	50,0	12	24,0	0,51	0,49
LEP 73C/T									
Коровы/Cows	30	3	10,0	17	56,7	10	33,3	0,38	0,62
Тёлки/Heifers	50	17	34,0	17	34,0	16	32,0	0,51	0,49

Таким образом, можно отметить неравномерность распределения встречаемости желательных генотипов изучаемых полиморфизмов в разрезе половозрастных групп.

Анализ полученных данных после убоя показал неоднозначные данные по взаимосвязи послеубойных качеств и наличием полиморфизмов в гене LEP 528C/T и LEP 73C/T (табл. 2).

Таблица 2. Сопряжённость убойных качеств тёлочек с наличием полиморфизмов гена лептина
Table 2. Conjugation of slaughter qualities of heifers with leptin gene polymorphisms

Полиморфизм гена лептина/ Leptin gene polymorphisms	Генотип/ Genotype	Живая масса, кг/Live weight, kg	Масса туши, кг/ Weight of carcass, kg	Выход туши, %/ Carcass yield, %
LEP 528 C/T	СС	527,6±6,45	312,0±5,38	59,2±0,89
	СТ	558,0±7,87	321,8±4,51	57,8±0,65
	ТТ	541,7±5,67	313,5±4,19	57,9±0,39
LEP 73 C/T	СС	545,0±7,42	316,7±4,74	58,1±0,47
	СТ	554,1±8,55	319,1±5,55	57,7±0,94
	ТТ	539,9±9,36	316,4±4,75	58,7±0,65

Так, установлено, что животные гетерозиготные по гену LEP 528C/T имели максимальную предубойную живую массу – 558 кг, что на 16,3-30,4 кг (3,01-5,76 %; $P \geq 0,05$) превышало показатели сверстниц-носителей гомозиготных генотипов ТТ и СС соответственно. Распределение генотипов тёлочек по массе туши повторяло закономерность, установленную по живой массе перед убоем. При этом максимальная масса туши (321,8 кг) отмечалась у животных, имеющих генотип СТ, а зафиксированная разница с гомозиготными животными составляла 8,3-9,8 кг (2,64-3,14 %; $P \geq 0,05$) соответственно по сравнению с носителями ТТ и СС генотипами. Следует отметить, что несмотря на превосходство тёлочек-носителей генотипа СТ в абсолютных показателях продуктивности, максимальный выход туши (59,2 %) отмечался в группе животных-носителей гомозиготного варианта СС в гене LEP 528C/T, что превышало аналогичные показатели в группе животных с генотипом СТ на 1,4 % и на 1,3 % – в группе сверстниц с генотипом ТТ.

Дальнейший анализ был направлен на изучение взаимосвязи послеубойных качеств абердин-ангусских тёлочек с наличием полиморфизма гена LEP 73C/T. В результате установлено, что гетерозиготные особи также превосходили гомозиготных сверстниц по абсолютным убойным показателям: по предубойной живой массе – на 9,1-14,2 кг (1,67-2,63 %; $P \geq 0,05$), по массе туши – на 2,4-2,7 кг (0,76-0,85 %; $P \geq 0,05$) соответственно относительно тёлочек ТТ и СС вариантов полимор-

физма LEP 73C/T. Анализ данных по выходу туши свидетельствует, что наивысший показатель зафиксирован в группе животных, имеющих желательный генотип ТТ (58,7 %), однако преимущество по этому показателю с остальными группами было несущественным.

В результате оценки послеубойных качеств коров установлена максимальная живая масса в группе животных с генотипом ТТ по гену LEP 528C/T (табл. 3). Превосходство носителей желательного варианта полиморфизма относительно особей с генотипом СС составляло 54,9 кг (8,47 %; $P \geq 0,05$), а над гетерозиготными сверстницами – 44,8 кг (6,81 %; $P \geq 0,05$). От животных с желательной мутацией (ТТ) получены наиболее массивные туши, которые превосходили по массе показатели сверстниц на 46,0-52,0 кг (13,79-15,87 %; $P \geq 0,05$). Присутствие аллеля С в генотипе коров способствовало получению минимального выхода туши – 50,5 %. По изучаемому параметру коровы с генотипом ТТ превосходили животных из других групп на 3,5 %. Однако при сравнении формирования мясной продуктивности у коров разных генотипов следует учитывать неравнозначность выборки отдельных групп.

Таблица 3. Сопряжённость убойных качеств коров с наличием полиморфизмов гена лептина
Table 3. Conjugation of slaughter qualities of cows with leptin gene polymorphisms

Полиморфизм гена лептина/ <i>Leptin gene polymorphisms</i>	Генотип/ <i>Genotype</i>	Живая масса, кг/ <i>Live weight,</i> <i>kg</i>	Масса туши, кг/ <i>Weight of carcass,</i> <i>kg</i>	Выход туши, %/Carcass yield, %
LEP 528 C/T	CC	647,8±26,52	327,6±14,45	50,5±0,43
	CT	657,9±24,70	333,6±14,80	50,5±0,51
	TT	702,7±18,25	379,6±22,00	54,0±1,73
LEP 73 C/T	CC	756,2±32,25	408,3±6,75	54,1±1,63
	CT	660,1±24,27	333,8±14,36	50,4±0,51
	TT	634,1±22,96	321,6±12,40	50,7±0,38

При анализе данных сопряжённости убойных качеств с наличием полиморфизма гена LEP 73C/T среди коров установлено, что наибольшая предубойная живая масса отмечалась в группе животных с генотипом СС. Межгрупповые различия варьировали в пределах 96,1-122,1 кг (14,56-19,26 %; $P \geq 0,05$) соответственно с гетерозиготными особями и желательным генотипом ТТ. Аналогичный ранг распределения генотипов наблюдался по массе туши, что выражалось в разнице 86,7 кг (26,96 %; $P \geq 0,05$) между гомозиготными вариантами LEP 73C/T (СС и ТТ). Результаты по выходу туши подтверждают установленную тенденцию превосходства носителей СС генотипа. При максимальной выраженности (54,1 %) изучаемого показателя особи этого генотипа имели преимущество относительно других групп на уровне 3,4-3,7 единиц процентов, однако следует отметить, что различия эти носили недостоверный характер.

Обсуждение полученных результатов.

Повышение выхода туши у различных пород крупного рогатого скота остаётся одним из основных направлений селекционной-племенной работы в мясном скотоводстве (Hoppe S et al., 2010; Lourenco DAL et al., 2014; Thomasen JR, 2014; McLaren W et al., 2016; Malchiodi F et al., 2017). Для решения этой задачи используют методы индексной оценки племенной ценности особей вкпе с молекулярно-генетической информацией о генотипе по локусам, на которых основана маркер-ассоциированная селекция сельскохозяйственных животных (Wientjes YCJ, 2015).

На сегодняшний день актуальным является вопрос по изучению генетической информации и полиморфизма молекулярных маркеров у крупного рогатого скота (Erbe M et al., 2012; Fan Y et al., 2014; Šavc M et al., 2016; Xu L et al., 2016; Volkandari SD et al., 2018). В нашем исследовании в отношении полиморфизма гена лептина LEP 528C/T показано, что среди коров (53,3 %) и телок

(50,0 %) преобладали животные с гетерозиготным генотипом СТ. Особи с желательным генотипом ТТ встречались с низкой частотой как в группе коров (10,0 %), так и в стаде тёлочек (24,0 %). Гетерозиготный вариант однонуклеотидного полиморфизма LEP 73С/Т также шире (34,0-56,7 %) распространён в обеих половозрастных группах животных.

Увеличение эффективности селекционно-племенной работы в мясном скотоводстве можно обеспечить путём повышения точности оценки генетического потенциала продуктивности и сокращения генерационного интервала, используя генетические маркеры (Ковалюк Н.В. и др., 2014; Price MA, 2014; Kruhliak OV, 2018; Rojas Canadas E et al., 2019).

Следует воспользоваться мировым опытом ведения селекционно-племенной работы в мясном и молочном скотоводстве (Greguła-Kania M et al., 2012; Li X et al., 2013; Geburt K et al., 2015; Cao XK et al., 2016; Pico JGG, 2016; Negussie E et al., 2017). Например, Международная ассоциация генетики животных (ISAG), Международный комитет регистрации и учёта продуктивности сельскохозяйственных животных (ICAR), Отраслевой консультативный совет Национального консорциума по оценке мясного скота (NCBEC – The National Beef Cattle Evaluation Consortium), объединяющий представителей крупнейших отраслевых организаций, таких как Федерация по улучшению мясного скота, Национальная ассоциация скотоводов по производству говядины и Совет по мясным породам США проводят работы по валидации генетических маркеров мясной продуктивности с последующими рекомендациями по их использованию при совершенствовании пород мясного скота (Aliloo H et al., 2015).

Как известно, лептин – полипептидный гормон, который кодируется геном, расположенным в хромосоме 4q32. Лептин состоит из 167 аминокислот, 3 экзонов и 2 интронов и составляет 18,9 kb, из которых транслируется в белок только 2 экзона. Кодирующая область геналептина (длина 501 нуклеотид) содержится в экзонах 2 и 3 (Giblin L et al., 2010; Komisarek J, 2010).

При анализе взаимосвязи генов-кандидатов TG5 и LEP с мясной продуктивностью бычков герефордской и лимузинской пород определён значительный потенциал животных в отношении вкусовых и питательных качеств мяса, обусловленный сравнительно высокой долей аллеля Т и желательного генотипа ТТ (Duru S and Sak H, 2017).

Анализ данных по идентификации аллельного полиморфизма гена лептина на коровах-первотёлках голштинской породы молочного направления показал, что продуктивность находится в состоянии генетического равновесия Харди-Вайнберга (Guarini AR et al., 2018).

При оценке полиморфизма генов LEP (лептин), DGAT1 (диацилглицерол о-ацилтрансфераза) и FABP4 (жирнокислотный связывающий белок) у крупного рогатого скота породы Nelore и *Bos indicus* определяли их влияние на качество туши и мяса. Было выявлено, что DGAT1-VNTR является полиморфным у крупного рогатого скота Nelore. MspAII не выявил ассоциаций с изучаемыми признаками у помесных животных (Tizioto PC et al., 2012).

В последнее десятилетие в США в основном используется чистопородное линейное разведение абердин-ангусов, которое позволяет распространять ценные качества отдельных животных на большую группу племенных хозяйств, распределять породу на отличающиеся друг от друга группы, в каждой из которых накапливаются ценные генотипы, и выявлять наилучшие сочетания линий для выведения выдающихся животных и вытеснения наследственности других менее ценных генотипов (Carruthers CR et al., 2011; Coleman LW et al., 2016; Perez BC et al., 2019).

Исследования на Техасской опытной станции показали, что абердин-ангусы×герефордские, абердин-ангусы×браманские, абердин-ангусы×голштинские помеси превосходили по живой массе чистопородных ангусов уже при отъёме от матерей и в возрасте 450 дней, а также по среднесуточному приросту во все периоды выращивания и откорма. Хорошие показатели имели шароле×абердин-ангусские помеси, живая масса которых достигала 544-590 кг (Carruthers CR et al., 2011).

При изучении четырёх полиморфизмов длины рестрикционных фрагментов (RFLPs) в гене лептина и пяти коротких повторов (STRs) у мясной породы крупного рогатого скота (абердин-ангус и Nelor) были оценены возможные ассоциации между этими маркерами и репродуктивными

показателями. В частности, исследователями был отмечен высокий уровень генетического разнообразия, причём STRs были более вариабельны, чем RFLPs (Duru S and Sak H, 2017).

У авторов, исследовавших популяции крупного рогатого скота молочного и мясного направления по продуктивности различных пород в разрезе полиморфизма гена лептина, частота встречаемости аллелей С и Т составила 0,61 и 0,39 соответственно. Исходя из полученных результатов, можно допустить, что столь частое превалирование благоприятного аллеля LEP^c над LEP^T является результатом направленной селекции по востребованному признаку продуктивности крупного рогатого скота в молочном и мясном животноводстве. Полученные данные предполагают возможность использования ген-маркерной селекции при составлении планов животноводческих мероприятий (Giblin L et al., 2010).

В наших исследованиях, проведённых на тёлках абердин-ангусской породы, было установлено превосходство гетерозиготных особей по формированию мясной продуктивности с учётом полиморфизмов гена лептина LEP 528C/T и LEP 73C/T. Аналогичные исследования в группе коров показали несколько иные результаты. Так, желательная мутация в гомозиготной форме (ТТ) при полиморфизме LEP 528C/T способствовала максимальной выраженности живой массы, массы и выхода туши у их носителей. Напротив, в отношении полиморфизма LEP 73C/T коровы с генотипом ТТ характеризовались минимальными показателями продуктивности.

Выводы.

Генетическое разнообразие коров и тёлочек абердин-ангусской породы в связи с полиморфизмами гена лептина LEP 528C/T и LEP 73C/T ассоциируется с фенотипической изменчивостью убойных показателей. При этом тёлки с гетерозиготным генотипом превосходили сверстниц по живой массе и массе туши. Полученные результаты позволяют проводить ранний отбор перспективных животных для мясного животноводства и принимать решение о целесообразности использования особей с желательными генотипами для осуществления селекционного процесса.

Исследования выполнены в соответствии с планом НИР на 2019-2021 гг. ФГБНУ ФНЦ БСТ РАН (0761-2019-0009)

Литература

1. Анализ продуктивности в группах коров аулиекольской и казахской белоголовой пород с разными генотипами полиморфизма BPIT-1-HINF1 / И.С. Бейшова, Е.В. Белая, В.П. Терлецкий, Г.Д. Чужебаева, А.А. Крутикова // Успехи современной науки и образования. 2017. Т. 7. № 4. С. 133-138. [Beyshova IS, Belaya EV, Terletsky VP, Chuzhebaeva GD, Krutikova AA. Analysis of productivity in groups of cows of the Auliekol and Kazakh white-head rocks with different genotypes of polymorphism BPIT-1-HINF1. Success of modern science and education. 2017;7(4):133-138. (In Russ)].
2. Использование полиморфизма локуса лептина в селекции крупного рогатого скота айрширской породы / Н.В. Ковалюк, В.Ф. Сацук, А.Е. Волченко, Е.В. Мачульская, Ю.Ю. Шахназарова // Молочное и мясное скотоводство. 2014. № 6. С. 13-15. [Kovalyuk NV, Satsuk VF, Volchenko AE, Machulskaya EV, Shahnazarova JJ. Using of polymorphism of the leptin locus in breeding of cattle of Ayrshire breed. Dairy and Beef Cattle Farming. 2014;6:13-15. (In Russ)].
3. Хабибрахманова Я.А. Полиморфизм генов молочных белков и гормонов крупного рогатого скота: автореф. дис. ... канд. биол. наук. П. Лесные Поляны, 2009. 19 с. [Khabibrakhmanova YaA. Polimorfizm genov molochnykh belkov i gormonov krupnogo rogatogo skota: avtoref. dis. ... kand. biol. nauk. P. Lesnye Polyany; 2009:19 p. (In Russ)].
4. Adam A, Abecasis GR, Altshuler DM, Durbin RM, Bentley DR., Chakravarti A, et al. A global reference for human genetic variation. Nature. 2015; 526(7571):68-74. doi:10.1038/nature15393
5. Aliloo H, Pryce JE, González-Recio O, Cocks BG, Hayes BJ. Validation of markers with non-additive effects on milk yield and fertility in Holstein and Jersey cows. BMC genetics. 2015;16(1):89. doi: 10.1186/s12863-015-0241-9

6. Avilés C, Polvillo O, Pena F, Horcada A, Juarez M, Molina A. Association study between a SNP in bovine *SCD1* gene with fatty acid composition in a spanish commercial population fed with two different diets. *Animal Biotechnology*. 2015; 26(1):40-44. doi: <https://doi.org/10.1080/10495398.2014.880712>
7. Broderick GA. Review: Optimizing ruminant conversion of feed protein to human food protein. *Animal*. 2018;12(8):1722-1734. doi: <https://doi.org/10.1017/S1751731117002592>
8. Buchanan FC, Fitzsimmons CJ, Van Kessel AG, Thue TD, Winkelman-Sim DC, Schmutz SM. Association of a missense mutation in the bovine leptin gene with carcass fat content and leptin mRNA levels. *Genet Sel Evol*. 2002;34(1):105-116. doi: <https://doi.org/10.1186/1297-9686-34-1-105>
9. Calus MPL, Bijma P, Veerkamp RF. Evaluation of genomic selection for replacement strategies using selection index theory. *Journal of Dairy Science*. 2015;98(9):6499-6509. doi: <https://doi.org/10.3168/jds.2014-9192>
10. Cao XK, Zhan ZY, Huang YZ, Lan XY, Lei CZ, Qi XL, Chen H. Variants and haplotypes within MEF2C gene influence stature of chinese native cattle including body dimensions and weight. *Livest. Sci*. 2016;185:106-109. doi: <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2016.01.008>
11. Carruthers CR, Plante Y, Schmutz SM. Comparison of Angus cattle populations using gene variants and microsatellites. *Canadian Journal of Animal Science*. 2011;91(1):81-85. doi: <https://doi.org/10.1139/CJAS10058>
12. Carvalho ThD, Siqueira F, Torres Júnior RAA, Raposo de Medeiros S, Dias Feijó GL, Dorta De Souza Junior M, Zaidan Blecha IM and Soares CO. Association of polymorphisms in the leptin and thyroglobulin genes with meat quality and carcass traits in beef cattle. *Rev. Bras Zootec*. 2012;41(10):2162-2168. doi: <https://doi.org/10.1590/S1516-35982012001000004>
13. Coleman LW, Hickson RE, Schreurs NM, Martin NP, Kenyon PR, Lopez-Villalobos N, Morris ST. Carcass characteristics and meat quality of Hereford sired steers born to beef-cross-dairy and Angus breeding cows. *Meat Science*. 2016;121:403-408. doi: <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2016.07.011>
14. Durán Aguilar M, Román Ponce SI, Ruiz López FJ, González Padilla E. Genome-wide association study for milk somatic cell score in holstein cattle using copy number variation as markers. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 2017;134(1):49-59. doi: <https://doi.org/10.1111/jbg.12238>
15. Duru S, Sak H. Türkiye’de besiye alınan simmental, aberdeen angus, hereford, limousin ve charolais ırkı sığırların besi performansı ve karkas özellikleri. *Turkish Journal of Agriculture – Food Science and Technology*. 2017;5(11):1383-1388. doi: <https://doi.org/10.24925/turjaf.v5i11.1383-1388.1485>
16. Erbe M, Hayes BJ, Matukumalli LK, Goswami S, Bowman PJ, Reich CM et al. Improving accuracy of genomic predictions within and between dairy cattle breeds with imputed high-density single nucleotide polymorphism panels. *Journal of dairy science*. 2012;95(7):4114-4129. doi: <https://doi.org/10.3168/jds.2011-5019>
17. Fan Y, Wang P, Fu W, Dong T, Qi C, Liu L, Guo G, Li C, Cui X, Zhang S, Zhang Q, Zhang Y, Sun D. Genome-wide association study for pigmentation traits in Chinese Holstein population. *Animal genetics*. 2014; 45(5):740-744. doi: <https://doi.org/10.1111/age.12189>
18. Geburt K, Friedrich M, Piechotta M, Gaulty M, von Borstel UK. Validity of physiological biomarkers for maternal behavior in cows – A comparison of beef and dairy cattle. *Physiology & behavior*. 2015;139:361-368. doi: <https://doi.org/10.1016/j.physbeh.2014.10.030>
19. Giblin L, Stephen TB, Breda MK, Sinead MW, Michael JC, Donagh PB. Association of bovine leptin polymorphisms with energy output and energy storage traits in progeny tested Holstein-Friesian dairy cattle sires. *BMC Genetics*. 2010;11:73. doi: <https://doi.org/10.1186/1471-2156-11-73>
20. Greguła-Kania M. Effect of calpastatin gene polymorphism on lamb growth and muscling. *Annals of Animal Science*. 2012;12(1):63-72. doi: <https://doi.org/10.2478/v10220-012-0005-7>
21. Guarini AR, Lourenco DAL, Brito LF, Sargolzaei M, Baes CF, Miglior F, Misztal I. Comparison of genomic predictions for lowly heritable traits using multi-step and single-step genomic best linear unbiased predictor in Holstein cattle. *Journal of Dairy Science*. 2018;101(9):8076-8086. doi: <https://doi.org/10.3168/jds.2017-14193>

22. Hoppe S, Brandt HR, König S, Erhardt G, Gauly M. Temperament traits of beef calves measured under field conditions and their relationships to performance. *J Anim Sci.* 2010;88(6):1982-1989. doi: <https://doi.org/10.2527/jas.2008-1557>
23. Kmieć M, Kulig H, Wierzbicki H. Polymorphismus im leptin-gen in verbindung mit ausgewählten reproduktions-leistungen von ebern. *Tierärztliche Umschau.* 2006;61(2):77-83.
24. Komisarek J. Impact of LEP and LEPR gene polymorphisms on functional traits in Polish Holstein-Friesian cattle. *Animal Science Papers and Reports.* 2010;28:133-141.
25. Kruhliak OV. Genetic resources of dairy cattle breeding in Ukraine. *Economy of AIC.* 2018;1:33-39.
26. Li X, Bykhovskaya Y, Tang YG, Picornell Y, Haritunians T, Aldave AJ, Rabinowitz YS et al. An association between the calpastatin (CAST) gene and keratoconus. *Cornea.* 2013; 32(5):696-701. doi: [10.1097/ICO.0b013e3182821c1c](https://doi.org/10.1097/ICO.0b013e3182821c1c)
27. Lourenco DAL, Misztal I, Tsuruta S, Aguilar I, Ezra E, Ron M et al. Methods for genomic evaluation of a relatively small genotyped dairy population and effect of genotyped cow information in multiparity analyses. *Journal of Dairy Science.* 2014;97(3):1742-1752. doi: <https://doi.org/10.3168/jds.2013-6916>
28. Malchiodi F, Koeck A, Mason S, Christen AM, Kelton DF, Schenkel FS, Miglior F. Genetic parameters for hoof health traits estimated with linear and threshold models using alternative cohorts. *Journal of Dairy Science.* 2017;100(4):2828-2836. doi: <https://doi.org/10.3168/jds.2016-11558>
29. McLaren W, Gil L, Hunt SE, Riat HS, Ritchie GRS, Thormann A, Flicek P, Cunningham F. The ensembl variant effect predictor. *Genome biology.* 2016;17(1):122. doi: [10.1186/s13059-016-0974-4](https://doi.org/10.1186/s13059-016-0974-4)
30. Negussie E, de Haas Y, Dehareng F, Dewhurst RJ, Dijkstra J, Gengler N, Morgavi DP, Soyeurt H, van Gastelen S, Yan T, Biscarini F. Invited review: Large-scale indirect measurements for enteric methane emissions in dairy cattle: A review of proxies and their potential for use in management and breeding decisions. *Journal of Dairy Science.* 2017;100(4):2433-2453. doi: <https://doi.org/10.3168/jds.2016-12030>
31. Nkrumah JD, Li C, Yu J, Hansen C, Keisler DH, Moore SS. Polymorphism in the bovine leptin gene promoter associated with serum leptin concentration, growth, feed intake, feeding behavior, and measures of carcass merit. *J. Anim. Sci.* 2005;83(1):20-28. doi: <https://doi.org/10.2527/2005.83120x>
32. Perez BC, Balieiro Julio CC, Carvalheiro R, Tirelo F, Gerson AOJ, Dementshuk JM, Eler JP, Ferraz JBS, Ventura RV. Accounting for population structure in selective cow genotyping strategies. *Journal of Animal Breeding and Genetics.* 2019;136(1):23-39. doi: <https://doi.org/10.1111/jbg.12369>
33. Pico JGG. Estudio zootécnico de la Neosporosis bovina: análisis teórico de orientación para los ganaderos de Santander y Boyacá. *Universidad Nacional Abierta Y A Distancia – UNAD;*2016:74 p.
34. Price MA. Species of meat animals: Cattle. *Encyclopedia of Meat Sciences*, eds. Dikeman M, Devine C. Academic Press; 2014:328-335. doi: <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-384731-7.00077-5>
35. Rojas Canadas E, Gobikrushanth M, Fernandez P, Kenneally J, Lonergan P, Butler ST. Evaluation of alternative strategies to treat anoestrous dairy cows and implications for reproductive performance in pasture-based seasonal calving herds: A pilot study. *Theriogenology.* 2019;127:130-136. doi: <https://doi.org/10.1016/j.theriogenology.2019.01.008>
36. Šavc M, Duane M, O'Grady LE, Somers JR, Beltman ME. Uterine disease and its effect on subsequent reproductive performance of dairy cattle: a comparison of two cow-side diagnostic methods. *Theriogenology.* 2016;86(8):1983-1988. doi: <https://doi.org/10.1016/j.theriogenology.2016.06.018>
37. Szyda J et al. Evaluating markers in selected genes for association with functional longevity of dairy cattle. *BMC Genetics.* 2011;12:30.
38. Thomasen JR, Sorensen AC, Lund MS, Guldbbrandtsen B. Adding cows to the reference population makes a small dairy population competitive. *Journal of Dairy Science.* 2014;97(9):5822-5832. doi: <https://doi.org/10.3168/jds.2014-7906>
39. Tizioto PC, Meirelles SL, Veneroni GB, Tullio RR, Rosa AN, Alencar MM, Medeiros SR, Siqueira F, Feijó GLD, Silva LOC, Torres Junior RAA, Regitano LCA. A SNP in ASAP1 gene is associ-

ated with meat quality and production traits in Nelore breed. Meat science. 2012;92(4):855-857. doi: <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2012.05.018>

40. Volkandari SD, Nadila A, Radiastuti N, Margawati ET. Genetic polymorphism of calpastatin (CAST) gene in pasundan cattle. Buletin Peternakan. 2018;42(4):262-266. doi: [10.21059/buletinpeternak.v42i4.35338](https://doi.org/10.21059/buletinpeternak.v42i4.35338)

41. Wientjes YCJ, Calus MPL, Goddard ME, Hayes BJ. Impact of QTL properties on the accuracy of multi-breed genomic prediction. Genetics Selection Evolution. 2015;47(1):42. doi: <https://doi.org/10.1186/s12711-015-0124-6>

42. Xu L, Hou Y, Bickhart DM, Zhou Y, Hay EH, Song J, Sonstegard TS, Van Tassel CP, Liu GE. Population-genetic properties of differentiated copy number variations in cattle. Scientific reports. 2016;6:23161. doi: <https://doi.org/10.1038/srep23161>

43. Yu L, Jin W, Zhang X, Wang D, Zheng J, Yang G, Xu Sh, Cho S, Zhang Y. Evidence for Positive Selection on the leptin gene in cetacea and pinnipedia. Plos One. 2011;6(10):e26579. doi: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0026579>

References

1. Beyshova IS, Belaya EV, Terletsky VP, Chuzhebaeva GD, Krutikova AA. Analysis of productivity in groups of cows of the Auliekol and Kazakh white-head rocks with different genotypes of polymorphism BPIT-1-HINFI. Success of modern science and education. 2017;7(4):133-138.

2. Kovalyuk NV, Satsuk VF, Volchenko AE, Machulskaya EV, Shahnazarova JJ. Using of polymorphism of the leptin locus in breeding of cattle of Ayrshire breed. Dairy and Beef Cattle Farming. 2014;6:13-15.

3. Khabibrakhmanova YaA. Polymorphism of genes of milk proteins and hormones of cattle: author. dis. ... cand. biol. sciences. P. Lesnye Polyany; 2009:19 p.

4. Adam A, Abecasis GR, Altshuler DM, Durbin RM, Bentley DR., Chakravarti A, et al. A global reference for human genetic variation. Nature. 2015;526(7571):68-74. doi: [10.1038/nature15393](https://doi.org/10.1038/nature15393)

5. Aliloo H, Pryce JE, González-Recio O, Cocks BG, Hayes BJ. Validation of markers with non-additive effects on milk yield and fertility in Holstein and Jersey cows. BMC genetics. 2015;16(1):89. doi: [10.1186/s12863-015-0241-9](https://doi.org/10.1186/s12863-015-0241-9)

6. Avilés C, Polvillo O, Pena F, Horcada A, Juarez M, Molina A. Association study between a SNP in bovine *SCD1* gene with fatty acid composition in a spanish commercial population fed with two different diets. Animal Biotechnology. 2015;26(1):40-44. doi: <https://doi.org/10.1080/10495398.2014.880712>

7. Broderick GA. Review: Optimizing ruminant conversion of feed protein to human food protein. Animal. 2018;12(8):1722-1734. doi: <https://doi.org/10.1017/S1751731117002592>

8. Buchanan FC, Fitzsimmons CJ, Van Kessel AG, Thue TD, Winkelman-Sim DC, Schmutz SM. Association of a missense mutation in the bovine leptin gene with carcass fat content and leptin mRNA levels. Genet Sel Evol. 2002;34(1):105-116. doi: <https://doi.org/10.1186/1297-9686-34-1-105>

9. Calus MPL, Bijma P, Veerkamp RF. Evaluation of genomic selection for replacement strategies using selection index theory. Journal of Dairy Science. 2015;98(9):6499-6509. doi: <https://doi.org/10.3168/jds.2014-9192>

10. Cao XK, Zhan ZY, Huang YZ, Lan XY, Lei CZ, Qi XL, Chen H. Variants and haplotypes within MEF2C gene influence stature of chinese native cattle including body dimensions and weight. Livest. Sci. 2016;185:106-109. doi: <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2016.01.008>

11. Carruthers CR, Plante Y, Schmutz SM. Comparison of Angus cattle populations using gene variants and microsatellites. Canadian Journal of Animal Science. 2011;91(1):81-85. doi: <https://doi.org/10.1139/CJAS10058>

12. Carvalho ThD, Siqueira F, Torres Júnior RAA, Raposo de Medeiros S, Dias Feijó GL, Dorta De Souza Junior M, Zaidan Blecha IM and Soares CO. Association of polymorphisms in the leptin and thyroglobulin genes with meat quality and carcass traits in beef cattle. Rev. Bras Zootec. 2012;41(10):2162-2168. doi: <https://doi.org/10.1590/S1516-35982012001000004>

13. Coleman LW, Hickson RE, Schreurs NM, Martin NP, Kenyon PR, Lopez-Villalobos N, Morris ST. Carcass characteristics and meat quality of Hereford sired steers born to beef-cross-dairy and Angus breeding cows. *Meat Science*. 2016;121:403-408. doi: <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2016.07.011>
14. Durán Aguilar M, Román Ponce SI, Ruiz López FJ, González Padilla E. Genome-wide association study for milk somatic cell score in holstein cattle using copy number variation as markers. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 2017;134(1):49-59. doi: <https://doi.org/10.1111/jbg.12238>
15. Duru S, Sak H. Türkiye’de besiye alınan simmental, aberdeen angus, hereford, limousin ve charolais ırkı sığırların besi performansı ve karkas özellikleri. *Turkish Journal of Agriculture - Food Science and Technology*. 2017;5(11):1383-1388. doi: <https://doi.org/10.24925/turjaf.v5i11.1383-1388.1485>
16. Erbe M, Hayes BJ, Matukumalli LK, Goswami S, Bowman PJ, Reich CM, et al. Improving accuracy of genomic predictions within and between dairy cattle breeds with imputed high-density single nucleotide polymorphism panels. *Journal of dairy science*. 2012;95(7):4114-4129. doi: <https://doi.org/10.3168/jds.2011-5019>
17. Fan Y, Wang P, Fu W, Dong T, Qi C, Liu L, Guo G, Li C, Cui X, Zhang S, Zhang Q, Zhang Y, Sun D. Genome-wide association study for pigmentation traits in Chinese Holstein population. *Animal genetics*. 2014; 45(5):740-744. doi: <https://doi.org/10.1111/age.12189>
18. Geburt K, Friedrich M, Piechotta M, Gauly M, von Borstel UK. Validity of physiological biomarkers for maternal behavior in cows – A comparison of beef and dairy cattle. *Physiology & behavior*. 2015;139:361-368. doi: <https://doi.org/10.1016/j.physbeh.2014.10.030>
19. Giblin L, Stephen TB, Breda MK, Sinead MW, Michael JC, Donagh PB. Association of bovine leptin polymorphisms with energy output and energy storage traits in progeny tested Holstein-Friesian dairy cattle sires. *BMC Genetics*. 2010;11:73. doi: 10.1186/1471-2156-11-73
20. Greguła-Kania M. Effect of calpastatin gene polymorphism on lamb growth and muscling. *Annals of Animal Science*. 2012;12(1):63-72. doi: <https://doi.org/10.2478/v10220-012-0005-7>
21. Guarini AR, Lourenco DAL, Brito LF, Sargolzaei M, Baes CF, Miglior F, Misztal I. Comparison of genomic predictions for lowly heritable traits using multi-step and single-step genomic best linear unbiased predictor in Holstein cattle. *Journal of Dairy Science*. 2018; 101(9):8076-8086. doi: <https://doi.org/10.3168/jds.2017-14193>
22. Hoppe S, Brandt HR, König S, Erhardt G, Gauly M. Temperament traits of beef calves measured under field conditions and their relationships to performance. *J Anim Sci*. 2010;88(6):1982-1989. doi: <https://doi.org/10.2527/jas.2008-1557>
23. Kmiec M, Kulig H, Wierzbicki H. Polymorphismus im leptin-gen in verbindung mit ausgewählten reproduktions-leistungen von ebern. *Tierärztliche Umschau*. 2006;61(2):77-83.
24. Komisarek J. Impact of LEP and LEPR gene polymorphismson functional traits in Polish Holstein-Friesian cattle. *Animal Science Papers and Reports*. 2010;28:133-141.
25. Kruhliak OV. Genetic resources of dairy cattle breeding in Ukraine. *Economy of AIC*. 2018;1:33-39.
26. Li X, Bykhovskaya Y, Tang YG, Picornell Y, Haritunians T, Aldave AJ, Rabinowitz YS et al. An association between the calpastatin (CAST) gene and keratoconus. *Cornea*. 2013; 32(5):696-701. doi: 10.1097/ICO.0b013e3182821c1c
27. Lourenco DAL, Misztal I, Tsuruta S, Aguilar I, Ezra E, Ron M et al. Methods for genomic evaluation of a relatively small genotyped dairy population and effect of genotyped cow information in multiparity analyses. *Journal of Dairy Science*. 2014;97(3):1742-1752. doi: <https://doi.org/10.3168/jds.2013-6916>
28. Malchiodi F, Koeck A, Mason S, Christen AM, Kelton DF, Schenkel FS, Miglior F. Genetic parameters for hoof health traits estimated with linear and threshold models using alternative cohorts. *Journal of Dairy Science*. 2017;100(4):2828-2836. doi: <https://doi.org/10.3168/jds.2016-11558>
29. McLaren W, Gil L, Hunt SE, Riat HS, Ritchie GRS, Thormann A, Flicek P, Cunningham F. The ensembl variant effect predictor. *Genome biology*. 2016;17(1):122. doi: 10.1186/s13059-016-0974-4
30. Negussie E, de Haas Y, Dehareng F, Dewhurst RJ, Dijkstra J, Gengler N, Morgavi DP, Soyeurt H, van Gastelen S, Yan T, Biscarini F. Invited review: Large-scale indirect measurements for enter-

ic methane emissions in dairy cattle: A review of proxies and their potential for use in management and breeding decisions. *Journal of Dairy Science*. 2017;100(4):2433-2453. doi: <https://doi.org/10.3168/jds.2016-12030>

31. Nkrumah JD, Li C, Yu J, Hansen C, Keisler DH, Moore SS. Polymorphism in the bovine leptin gene promoter associated with serum leptin concentration, growth, feed intake, feeding behavior, and measures of carcass merit. *J. Anim. Sci.* 2005;83(1):20-28. doi: <https://doi.org/10.2527/2005.83120x>

32. Perez BC, Balieiro Julio CC, Carneiro R, Tirelo F, Gerson AOJ, Dementshuk JM, Eler JP, Ferraz JBS, Ventura RV. Accounting for population structure in selective cow genotyping strategies. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 2019;136(1):23-39. doi: <https://doi.org/10.1111/jbg.12369>

33. Pico JGG. Estudio zootécnico de la Neosporosis bovina: análisis teórico de orientación para los ganaderos de Santander y Boyacá. *Universidad Nacional Abierta Y A Distancia – UNAD*;2016:74 p.

34. Price MA. Species of meat animals: Cattle. *Encyclopedia of Meat Sciences*, eds. Dikeman M, Devine C. Academic Press; 2014:328-335. doi: <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-384731-7.00077-5>

35. Rojas Candas E, Gobikrushanth M, Fernandez P, Kenneally J, Lonergan P, Butler ST. Evaluation of alternative strategies to treat anoestrous dairy cows and implications for reproductive performance in pasture-based seasonal calving herds: A pilot study. *Theriogenology*. 2019;127:130-136. doi: <https://doi.org/10.1016/j.theriogenology.2019.01.008>

36. Šavc M, Duane M, O'Grady LE, Somers JR, Beltman ME. Uterine disease and its effect on subsequent reproductive performance of dairy cattle: a comparison of two cow-side diagnostic methods. *Theriogenology*. 2016;86(8):1983-1988. doi: <https://doi.org/10.1016/j.theriogenology.2016.06.018>

37. Szyda J et al. Evaluating markers in selected genes for association with functional longevity of dairy cattle. *BMC Genetics*. 2011;12:30.

38. Thomasen JR, Sorensen AC, Lund MS, Guldbandsen B. Adding cows to the reference population makes a small dairy population competitive. *Journal of Dairy Science*. 2014;97(9):5822-5832. doi: <https://doi.org/10.3168/jds.2014-7906>

39. Tizioto PC, Meirelles SL, Veneroni GB, Tullio RR, Rosa AN, Alencar MM, Medeiros SR, Siqueira F, Feijó GLD, Silva LOC, Torres Junior RAA, Regitano LCA. A SNP in ASAP1 gene is associated with meat quality and production traits in Nelore breed. *Meat science*. 2012;92(4):855-857. doi: <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2012.05.018>

40. Volkandari SD, Nadila A, Radiastuti N, Margawati ET. Genetic polymorphism of calpastatin (CAST) gene in pasundan cattle. *Buletin Peternakan*. 2018;42(4):262-266. doi: 10.21059/buletinpeternak.v42i4.35338

41. Wientjes YCJ, Calus MPL, Goddard ME, Hayes BJ. Impact of QTL properties on the accuracy of multi-breed genomic prediction. *Genetics Selection Evolution*. 2015;47(1):42. doi: <https://doi.org/10.1186/s12711-015-0124-6>

42. Xu L, Hou Y, Bickhart DM, Zhou Y, Hay EH, Song J, Sonstegard TS, Van Tassell CP, Liu GE. Population-genetic properties of differentiated copy number variations in cattle. *Scientific reports*. 2016;6:23161. doi: <https://doi.org/10.1038/srep23161>

43. Yu L, Jin W, Zhang X, Wang D, Zheng J, Yang G, Xu Sh, Cho S, Zhang Y. Evidence for Positive Selection on the leptin gene in cetacea and pinnipedia. *Plos One*. 2011;6(10):e26579. doi: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0026579>

Герасимов Николай Павлович, кандидат сельскохозяйственных наук, старший научный сотрудник отдела разведения мясного скота, Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий Российской академии наук, 460000, г. Оренбург, ул. 9 Января, 29, сот.:89123589617, e-mail: nick.gerasimov@rambler.ru

Колпаков Владимир Иванович, кандидат сельскохозяйственных наук, научный сотрудник лаборатории селекции мясного скота, Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий Российской академии наук, 460000, г. Оренбург, ул. 9 Января, 29, тел.: +79873417702, e-mail: vkolpakov056@yandex.ru

Косян Дианна Багдасаровна, кандидат биологических наук, и.о. заведующего лабораторией селекционно-генетических исследований в животноводстве, Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий Российской академии наук, 460000, г. Оренбург, ул. 9 Января, 29, тел.: +79228448915, e-mail: kosyan.diana@mail.ru

Сыромятников Михаил Юрьевич, кандидат биологических наук, Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий Российской академии наук, 460000, г. Оренбург, ул. 9 Января, 29, e-mail: mihan.vrn@mail.ru

Кван Ольга Вилориевна, кандидат биологических наук, старший научный сотрудник отдела кормления сельскохозяйственных животных и технологии кормов им. С.Г. Леушина, Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий Российской академии наук, 460000, г. Оренбург, ул. 9 Января, 29, тел.: +79225485657, e-mail: kwan111@yandex.ru

Русакова Елена Анатольевна, кандидат биологических наук, старший научный сотрудник молекулярно-генетической лаборатории, Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий Российской академии наук, 460000, г. Оренбург, ул. 9 Января, 29, тел.: +79198602478, e-mail: elenka_rs@mail.ru

Поступила в редакцию 11 сентября 2020 г.; принята после решения редколлегии 14 сентября 2020 г.; опубликована 30 сентября 2020 г. / Received: 11 September 2020; Accepted: 14 September 2020; Published: 30 September 2020