

Животноводство и кормопроизводство. 2026. Т. 109. № 1. С. 71-81.
Animal Husbandry and Fodder Production. 2026. Vol. 109. No. 1. P. 71-81.

Научная статья
УДК 636.39:591.151(470.23)
doi: 10.33284/2658-3135-109-1-71

Анализ генетического полиморфизма каппа-казеина (CSN3) в популяции зааненских коз Ленинградской области с применением метода BLUP

Григорий Карапетович Пегливанян¹, Елена Анатольевна Романова²,
Ольга Васильевна Тулинова³

^{1,2,3}Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных – филиал Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста», Санкт-Петербург, Тярлево, Россия

¹Peglivanian_grig@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-5194-4851>

²splicing86@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-4225-5533>

³tulinova_59@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0005-5704-4420>

Аннотация. Выявление генетических факторов, влияющих на качество и количество молока, имеет решающее значение для создания высокопродуктивных стад молочных коз. В современной селекции все шире применяются генетические маркеры, что позволяет значительно ускорить отбор животных с ценными сельскохозяйственными качествами и повысить эффективность племенной работы. В исследовании изучается полиморфизм в позиции 86209304 (замена ТС в экзоне 4) гена каппа-казеина на хромосоме 6 с помощью ПЦР-ПДФ-анализа. Образцы крови 110 коз были проанализированы на предмет частот генотипов: ТТ (частота 0,65), гетерозиготы ТС – 0,35, гомозиготы СС не обнаружены. В исследовании также изучается взаимосвязь между генотипами и экономически важными фенотипическими признаками. Статистически значимых различий между группами генотипов не обнаружено, хотя были отмечены некоторые тенденции по содержанию жира, устойчивости лактации и оценке EBV по удою (+12 и +15 против +7 кг) у коз с гетерозиготным генотипом ТС, что может быть подтверждением более высокого генетического продуктивного потенциала этой группы животных.

Ключевые слова: козы, зааненская порода, каппа-казеин, полиморфизм, BLUP

Благодарности: работа выполнена в соответствии с планом НИР за 2024-2026 гг. ВНИИГРЖ (№ 124020200029-4).

Для цитирования: Пегливанян Г.К., Романова Е.А., Тулинова О.В. Анализ генетического полиморфизма каппа-казеина (CSN3) в популяции зааненских коз Ленинградской области с применением метода BLUP // Животноводство и кормопроизводство. 2026. Т. 109. № 1 С. 71-81. [Peglivanyan GK, Romanova EA, Tulinova OV. Analysis of the kappa-casein (CSN3) genetic polymorphism in the Saanen goat population of the Leningrad region using the BLUP method. Animal Husbandry and Fodder Production. 2026;109(1):71-81. (In Russ.)]. <https://doi.org/10.33284/2658-3135-109-1-71>

Original article

Analysis of the kappa-casein (CSN3) genetic polymorphism in the Saanen goat population of the Leningrad region using the BLUP method

Grigory K Peglivanyan¹, Elena A Romanova², Olga V Tulinova³

^{1,2,3}Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding – Branch of the LK Ernst Federal Science Center for Animal Husbandry, St. Petersburg, Tyarlevo, Russia

¹Peglivanyan_grig@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-5194-4851>

²splicing86@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-4225-5533>

³tulinova_59@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0005-5704-4420>

Abstract. Identifying genetic factors affecting milk quality and quantity is crucial for developing high-yielding dairy goat herds. Genetic markers are increasingly being used in modern breeding, significantly accelerating the selection of animals with valuable agricultural traits and increasing the efficiency of breeding efforts. This study examines a polymorphism at position 86209304 (TC substitution in exon 4) of the kappa-casein gene on chromosome 6 using PCR-RFLP analysis. Blood samples from 110 goats were analyzed for genotype frequencies: TT (frequency 0.65), TC heterozygotes – 0.35, and CC homozygotes were not detected. The study also examines the relationship between genotypes and economically important phenotypic traits. No statistically significant differences were found between the genotype groups, although some trends were noted in fat content, lactation stability and EBV assessment for milk yield (+12 and +15 versus +7 kg) in goats with the heterozygous TC genotype, which may be a confirmation of the higher genetic productive potential of this group of animals.

Keywords: goats, Saanen breed, kappa-casein, polymorphism, BLUP

Acknowledgments: the work was supported in accordance to the plan of research works for 2024-2026 RRIFAGB (№ 124020200029-4).

For citation: Peglivanyan GK, Romanova EA, Tulinova OV. Analysis of the kappa-casein (CSN3) genetic polymorphism in the Saanen goat population of the Leningrad region using the BLUP method. *Animal Husbandry and Fodder Production*. 2026;109(1):71-81. (In Russ.)]. <https://doi.org/10.33284/2658-3135-109-1-71>

Введение.

Производство козьего молока играет стратегическую роль в глобальном агропромышленном комплексе и выступает важным фактором устойчивого развития экономики и обеспечения населения продуктами питания во всем мире (Yang X et al., 2024). В течение последних десятилетий объемы его производства неуклонно растут. По данным Продовольственной и сельскохозяйственной Организации Объединённых Наций (Food and Agriculture Organization, FAO), количество производимого козьего молока во всем мире выросло с 12,1 млн тонн в 2000 г. до 20,9 млн тонн – в 2023 г. Наряду с продуктивностью растет и поголовье молочных коз, так, по данным ВНИИПлем, в 2024 году Российская Федерация достигла рекордного показателя по численности племенных животных – 17,6 тысяч голов, при этом средний удой молока на одну козу в племенных хозяйствах превысил показатели, наблюдавшиеся в 2015, 2020 и 2022 годах (Ежегодник по племенной работе..., 2025).

Молочная продуктивность и качественный состав молока представляют собой экономически значимые характеристики для молочных коз, так как изготовление сыров и молочных продуктов служит главным экономическим направлением в контексте разведения коз (Пегливанян Г.К. и Тулинова О.В., 2025; Luigi-Sierra et al., 2024).

В селекционной работе с козами в течение многих столетий использовались классические подходы селекции, а именно: визуальная оценка фенотипических характеристик, включая скорость роста, продуктивность и качество шерсти, при отборе племенного скота (Menchetti L and Padalino B, 2024; Selli A et al., 2024). Данные методы способствовали постепенному совершенство-

ванию в течение многих поколений, но генетическая основа желаемых признаков оставалась неопределенной (Saleh A et al., 2024).

Внедрение в селекцию коз молекулярно-генетических технологий обеспечило точное и детальное представление о генетическом разнообразии как внутри пород, так и между ними (Safdar M et al., 2024). Генетические маркеры позволяют напрямую анализировать генетический профиль животного, раскрывая базовую генетическую архитектуру продуктивных признаков. Применение маркерной селекции имеет ряд преимуществ по сравнению с классическими подходами, основанными на отборе и подборе родительских пар (Gebreselase HB et al., 2024; Figueiredo RQ et al., 2022).

Молоко коров и коз на 80 % состоит из казеиновых белков, входящих в группу фосфопротеинов (Fox PF and Brodtkorb A, 2008), которая включает четыре основных вида казеинов: альфа-s1 (α 1-), альфа-s2 (α 2-), бета-казеин (β -) и каппа-казеин (κ -казеин), связанных между собой и кодируемых аутосомными генами: *CSN1S1*, *CSN1S2*, *CSN2* и *CSN3*. Данные казеины отличаются своей уникальной структурой, чувствительностью к кальцию и ролью в формировании сырного сгустка. Целостность структуры казеиновой мицеллы обеспечивается прежде всего благодаря α 1- и α 2-казеинам, которые обладают высокой степенью фосфорилирования, что позволяет им связывать и транспортировать большое количество ионов кальция и других минералов (Huppertz T, 2012). Гидрофобная фракция β -казеина отличается своими эмульгирующими характеристиками и формированием структуры казеиновых мицелл (Bařłowska J et al., 2012). Уникальность κ -казеина, расположенного на поверхности мицеллы, заключается в устойчивости к кальцию, что обеспечивает стабильность и коагуляционные свойства молока (Dalglish DG, 2011).

Изучение генетического полиморфизма κ -казеина у коз отечественных популяций имеет важное научное и практическое значение, поскольку этот показатель связан с технологическими свойствами молока, а выявление разницы оценок методом наилучшего линейного несмещенного прогноза (BLUP AM) позволит решать ряд критических задач по оценке генетического потенциала животных и отбирать лучших особей для воспроизводства.

Цель исследования.

Выявить в ленинградской популяции коз зааненской породы полиморфизм в гене каппа-казеина (*CSN3*) в хромосоме 6 позиция в геноме 86209304, NC_030813.1 с заменой (Т-С) в 4 экзоне и изучить разницу средних оценок BLUP, включающих общую матрицу родства (A-matrix) и фиксированные эффекты среды.

Материалы и методы исследования.

Объект исследования. Кровь 110 коз зааненской породы племенного хозяйства Ленинградской области, которые родились в период 2017-2023 гг. с датами первого козления 2018=2024 гг.

Обслуживание животных и экспериментальные исследования выполнены в соответствии с инструкциями и рекомендациями нормативных актов: протокол Женевской конвенции и принципы надлежащей лабораторной практики (Национальный стандарт Российской Федерации ГОСТ Р 53434-2009). При проведении исследований были предприняты меры для обеспечения минимума страданий животных и уменьшения количества исследуемых опытных образцов.

Схема эксперимента. Забор крови осуществляли из яремной вены в специализированные вакуумные пробирки. Выделение ДНК проводили стандартным фенольным методом с использованием К-протеиназы. Однонуклеотидный полиморфизм выявляли методом RFLP (полиморфизм длин фрагментов рестрикции).

Для проведения анализа использовали следующие праймеры — прямой F1: 5'-TGTGCTGAGTAGGTATCCTAGTTATGG-3', и обратный R1: 5'-GCGTTGTCCSTTTGATGTCTCCTTAG-3', ПЦР выполнялась в объеме 10 мкл реакционной смеси, содержащей 2 мкл 5x Red-буфера (15 mM Mg²⁺) («Евроген», Москва), 0,2 мкл Taq-полимеразы

(«Сибэнзим», Новосибирск), 1,2 мкл смеси dNTP (2,5 мМ), 0,2 мкл каждого из пары праймеров, 5,8 мкл бидистиллированной воды и 0,4 мкл геномной ДНК в качестве матрицы.

Реакцию проводили при следующих температурно-временных параметрах: начальная денатурация +95 °С – 5 мин, 40 циклов (денатурация +95 °С – 20 с, отжиг +62 °С – 20 с, элонгация +72 °С – 30 с), финальная элонгация +72 °С – 5 мин (табл. 1). Рестрикцию полученных фрагментов проводили в амплификационной смеси при +37 °С в течение 30 минут, для чего использовали эндонуклеазу рестрикции *VneI*.

Таблица 1. Условия проведения ПЦР
Table 1. Conditions for performing PCR

Шаг / Step	Температура, °С / Temperature, °C	Время инкубации / Incubation time	Количество циклов / Number of cycles
Предварительная денатурация / Pre-denaturation	+95	5 мин / 5 minutes	1
Денатурация / Denaturation	+95	20 с / 20 seconds	40
Отжиг / Annealing	+62	20 с / 20 seconds	
Элонгация / Elongation	+72	30 с / 20 seconds	
Финальная элонгация / Final elongation	+72	5 мин / 5 minutes	1

В каждую пробирку добавляли по 1 единице активности рестриктазы. После обработки рестриктазой образцы наносили в лунки агарозного геля (2 %), результаты электрофореза фиксировали с помощью системы гель-документации.

Частоту генотипов и аллелей определяли по закону Харди-Вайнберга:

$$p^2 + 2pq + q^2 = 1,$$

где p^2 – доля гомозигот по одному из аллелей;

p – частота этого аллеля;

q^2 – доля гомозигот по альтернативному аллелю;

q – частота соответствующего аллеля;

$2pq$ – доля гетерозигот.

Данные по хозяйственно полезным признакам коз представлены в виде средних значений и стандартных ошибок, критерий Тьюки был использован для определения статистической значимости между группами.

С целью выявления связи фенотипических признаков коз с геном каппа-казеина в их крови сформирована выборка данных из базы «Селэкс» хозяйства за первую лактацию по следующим признакам: возраст первого козления, дней; число козлят; удой за 305 дней, кг; удой за первые 100 дней, кг; удой за вторые 100 дней, кг; МДЖ за 305 дней, %; Жир за 305 дней, кг; МДБ за 305 дней, %; Белок за 305 дней, кг; коэффициент устойчивости лактации, %.

Оборудование и технические средства. Исследования выполнены с использованием приборной базы лаборатории молекулярной генетики ВНИИГРЖ. Концентрацию и очистку выделенной ДНК проводили с использованием спектрофотометра Nano Drop 2000 (Thermo Fisher Scientific, США). Генотипирование проводили на амплификаторе «Bio-Rad» (США).

Статистическая обработка. Анализ и первичная обработка экспериментальных данных выполнялась с применением программного обеспечения «Microsoft Excel» («Microsoft», США) и «RStudio» («Posit Software», PBC, США). Для оценки ковариационных компонент использовался модуль RENUMF90 с применением итеративного алгоритма ReML (Restricted Maximum Likelihood Estimation). В рамках этого подхода параметры ковариации подбирались таким образом, чтобы максимизировать значение логарифмической функции правдоподобия; при этом включенные эффекты не подвергались преобразованию. Оценки племенной ценности первотелок (EBV –

Estimation Breeding Value) рассчитывались на основе матриц генетического родства, для вычисления которых применялось программное обеспечение из семейства BLUPF90.

Описательные статистические показатели – среднее арифметическое, стандартная ошибка и коэффициент изменчивости были рассчитаны с использованием инструментария «Анализ данных» в программе «Microsoft Excel 2013» («Microsoft», США).

Оценка племенной ценности (EBV) изучаемых показателей (дойные дни – DMD; удой за 305 дней – MY; МДЖ за 305 дней, % – FAT%; жир за 305 дней, кг – FATKG; МДБ за 305 дней, % – PROT%; белок за 305 дней, кг – PROTKG) с учетом воздействия генетических и средовых факторов выполнялась на основе смешанной математической модели в рамках методологии BLUP AM (*Best Linear Unbiased Prediction Animal Model*). Вычислительные процедуры проводились с использованием программного пакета семейства BLUPF90 (Misztal I et al., 2002).

Модель оценки признаков молочной продуктивности имела следующий вид:

$$Y_{ijk} = \mu + YS_i + Animal_k + e_{ijk},$$

где Y_{ijk} – показатели продуктивности k -й дочери j -го козла в i -й группе «год-сезон»;

μ – базовая популяционная средняя;

YS_i – фиксированный эффект градации «год-сезон»;

$Animal_k$ – рандомизированный эффект животного;

e_{ijk} – остаточный компонент, отражающий влияние неучтенных в модели факторов.

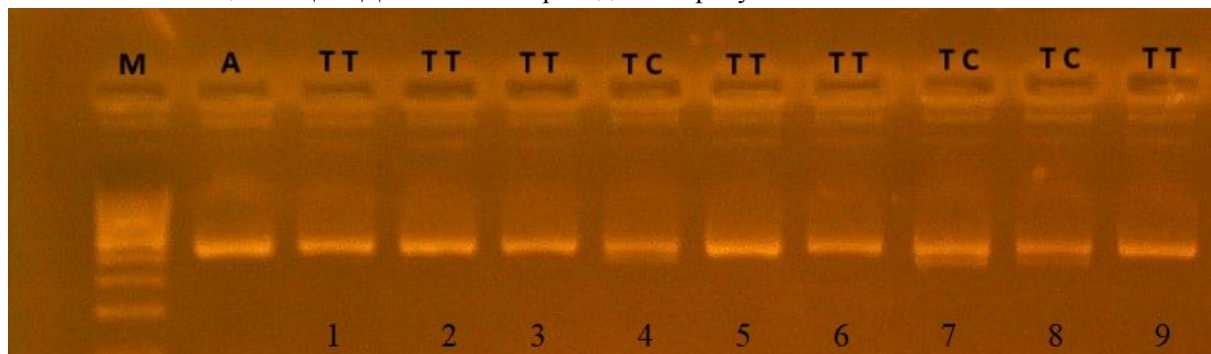
Достоверность генетической оценки (REL) или точность прогноза племенной ценности животного вычисляли по формуле:

$$REL = 1 - \frac{PEV_i}{\sigma_a^2},$$

где PEV (Prediction Error Variance) – дисперсия ошибки прогноза, отражающая ту часть аддитивной генетической изменчивости (σ_a^2), которая не была охвачена расчетной моделью.

Результаты исследования.

Генотипировано 110 голов коз зааненской породы по гену каппа-казеина расположенного на 6 хромосоме 4-го экзона с заменой Т-С (*VneI*). Детекция полиморфизма гена *CSN3* в позиции 86209304 с помощью ПЦР-ПДРФ анализа приведена на рисунке 1.



Примечание: * – анализ участка гена каппа-казеина коз, проведенного методом RFLP, (рестриктаза *VneI*): М – маркер длин фрагментов, А – амплификат, гетерозиготы TC (4, 7, 8), гомозиготы TT (1-3, 5, 6, 9)

Note: * – RFLP analysis of the goat kappa-casein gene region (*VneI* restriction enzyme): М – fragment length marker, А – amplification product, heterozygotes TC (4, 7, 8), homozygotes TT (1-3, 5, 6, 9)

Рисунок 1. Детекция полиморфизма гена *CSN3* в позиции 86209304 с помощью ПЦР-ПДРФ анализа

Figure 1. Detection of the *CSN3* gene polymorphism at position 86209304 using PCR-RFLP analysis

В результате проведенных исследований были выявлены генотипы: ТТ с размером 459/381 п.н. и ТС – 459/381/78. При этом гомозиготный генотип СС не был обнаружен в исследуемой популяции (табл. 2).

Таблица 2. Размер ДНК-продуктов реакций
Table 2. Size of DNA reaction products

Размер продукта амплификации, п.н. / Size of the amplification product, bp	Размер продуктов рестрикции в зависимости от генотипа, п.н. / Size of restriction products depending on genotype, bp		
	ТТ	ТС	СС
459	459/381	459/381/78	-

На основании данных генотипирования были определены частоты распределения генотипов и соответствующих им аллелей (табл. 3). В исследуемой популяции преобладает гомозиготный генотип ТТ (частота 0,65), гетерозиготный ТС встречается с частотой 0,35. Встречаемость аллеля С составила 0,18, в то время как аллель Т доминирует с частотой 0,82.

Расчет коэффициента χ^2 показал отсутствие отклонений по Харди-Вайнбергу, распределение частот генотипов в популяции находилось в равновесии. При этом наблюдается снижение доли гетерозиготных особей. Отсутствие гомозигот СС может быть результатом селекции на повышенные удои, что привело к выведению этого генотипа из популяции.

Таблица 3. Наблюдаемое и ожидаемое распределение генотипов и аллелей в гене CSN3/VneI позиции 86209304 в опытной популяции зааненской породы коз
Table 3. Observed and expected distribution of genotypes and alleles in the CSN3/VneI gene position 86209304 in the experimental population of Saanen goats

Показатель / Index	n	Частоты встречаемости генотипов, % / Genotype frequencies, %						Частоты встречаемости аллелей, % / Allele frequencies, %		χ^2
		ТТ		ТС		СС		Т	С	
		n	%	n	%	n	%			
Наблюдаемое распределение / Observed distribution	110	71	0,65	39	0,35	0	0	0,82	0,18	4,22
Ожидаемое распределение / Expected distribution		74	0,67	33	0,30	3	0,03			

Согласно генотипам исследуемых коз распределили на две группы и провели их сравнение по анализируемым хозяйственно полезным признакам (табл. 4).

Анализ таблицы 4 показал, что достоверных фенотипических различий между двумя группами животных с разными генотипами не обнаружено.

Следует отметить, что показатели изменчивости хозяйственно полезных признаков в первой группе несколько выше, кроме удоя, чем во второй. Возможно, это объясняется разным возрастом животных выборки. Анализ изменчивости также показал, что продуктивность за первые 100 дней в обеих группах чуть более стабильна, чем за вторые 100 дней. Наиболее консервативными по изменчивости из всех анализируемых признаков были содержание МДЖ и МДБ, что объясняется природой самих признаков.

Разница в возрасте 1-го козления составляет 33 дня в пользу генотипа ТС, что, возможно, объясняется спецификой размножения коз, то есть сезонностью. Оба генотипа, ТС (1,69±0,09) и ТТ (1,69±0,07), характеризуются одинаковой плодовитостью, то есть генотип не оказал влияние на число козлят по первому козлению (достоверных различий не обнаружено).

Козы с выявленными генотипами не демонстрируют значимых различий по показателям: удой за 305 дней – ТС (637±30 кг) и ТТ (650±22 кг), МДЖ – ТС (3,55±0,06 %) и ТТ (3,66±0,04 %) и МДБ – ТС (3,23±0,04 %) и ТТ (3,21±0,02 %). Однако у особей с гетерозиготным генотипом ТС отмечается тенденция к более высокой жирности молока (на 0,11 %), что может быть интересно для селекции по качеству продукции.

Таблица 4. Связь фенотипических показателей хозяйственно полезных признаков с генотипами в исследуемой популяции зааненской породы коз (1 лактация)
 Table 4. Relationship between phenotypic indicators of economically useful traits and genotypes in the studied population of Saanen goats (1 lactation)

Показатель / Index	Генотипы / Genotypes			
	ТС (n=39)		ТТ (n=71)	
	M±m	Cv, %	M±m	Cv, %
Возраст 1-го козления, дней / Age of first kidding, days	597±28	29,5	630±20	26,0
Число козлят / Number of kids	1,69±0,09	33,7	1,69±0,07	32,5
Удой за: / Milk yield at:				
305 дней, кг / 305 days, kg	637±30	26,4	650±22	27,2
1-е 100 дней, кг / 1st 100 days, kg	234±10	25,6	238±8	27,6
2-е 100 дней, кг / 2nd 100 days, kg	228±12	30,5	236±9	31,1
МДЖ за 305 дней, % / Fat 305 days, %	3,55±0,06	9,2	3,66±0,04	9,1
МДБ за 305 дней, % / Protein 305 days, %	3,23±0,04	6,7	3,21±0,02	5,9
Коэффициент устойчивости лактации, % / Lactation stability coefficient, %	98,03±5,68	34,3	102±3,33	27,1

Следует отметить, что козы с генотипом ТС более склонны к раздую, о чем свидетельствует большая разница в удое за 2-е 100 дней лактации (+8 против +4 кг по удою за 1-е 100 дней). И, как следствие, особи с гетерозиготными генотипом ТС (102±3,33 %) показали более высокую устойчивость лактации (на 3,97 %) по сравнению с гомозиготными особями ТТ (98,03±5,68 %), хотя различие статистически не значимо.

В выборку по оценке EBV по хозяйственно полезным признакам попали 100 генотипированных коз (ТТ – 67 % и ТС – 33 %), основные показатели по которым приведены в таблице 5.

Таблица 5. Фенотипические показатели и EBV (BLUP) хозяйственно полезных признаков зааненских коз с различными генотипами в зависимости от года рождения (1 лактация)
 Table 5. Phenotypic indicators and EBV (BLUP) of economically useful traits of Saanen goats with different genotypes depending on the year of birth (1 lactation)

Показатель / Index	Генотип / Genotype			
	ТС		ТТ	
	Годы рождения* / Years of birth*			
	2017-2021 (39,2 %)	2022-2023 (26,5 %)	2017-2021 (60,8 %)	2022-2023 (73,5 %)
Количество голов, % / Heads number, %	20 / 60,6	13 / 39,4	31 / 46,3	36 / 53,7
Возраст 1-го козления, мес. / Age at first kidding, months	15,9±0,8	17,3±1,2	16,3±0,7	17,3±0,8
Дойные дни / Milking days	325±19	349±36	405±48	364±22
Удой за 305 дней, кг / Milk yield at 305 days, kg	662±37	560±44	692±36	581±24
МДЖ за 305 дней, % / Fat 305 days, %	3,52±0,04	3,63±0,12	3,62±0,04	3,61±0,06
Жир за 305 дней, кг / Fat 305 days, kg	23,2±1,3	19,9±1,4	25,1±1,3	20,7±0,8
МДБ за 305 дней, % / Protein 305 days, %	3,20±0,04	3,29±0,06	3,21±0,03	3,21±0,04
Белок за 305 дней, кг / Protein 305 days, kg	21,1±1,2	18,2±1,3	22,1±1,1	18,7±0,8
EBV: MD	-7±6	0±5	-6±6	1±3
MY	12±9	15±16	7±9	7±9
FAT%	0,00±0,02	0,01±0,04	0,01±0,01	0,01±0,02
FAT _{KG}	0,4±0,3	0,6±0,4	0,3±0,3	0,3±0,3
PROT%	0,00±0,01	0,01±0,03	-0,01±0,01	0,00±0,01
PROT _{KG}	0,4±0,3	0,5±0,4	0,2±0,3	0,2±0,3

Примечание: * – доля коз данного генотипа в данный период рождения
 Note: * – proportion of goats of a given genotype at birth

Обсуждение полученных результатов.

По группам исследуемых генотипов наблюдается разное распределение животных в зависимости от года рождения при сохранившемся преобладании гомозиготного генотипа. Так, среди ранее рожденных (2017-2022 гг.) на генотип ТТ приходится 60,8 % коз в отличие от 73,5 % среди рожденных в 2022-2023 гг. Этот факт может свидетельствовать о том, что происходит нарастание гомозиготности по исследуемому гену в стаде.

Сравнение фенотипических показателей и EBV (BLUP) хозяйственно полезных признаков зааненских коз с различными генотипами в зависимости от года рождения, приведенные в таблице 5, подтвердило отсутствие достоверной разницы между группами коз. Однако, такие показатели как возраст 1-го козления и удой за 305 дней увеличились в группе молодых коз, то есть при более позднем козлении удой за 1 лактацию снизился. Но при этом следует отметить, что EBV по удою в обеих возрастных группах значительно выше у коз с гетерозиготным генотипом ТС (+12 и +15 против +7 кг), что может быть подтверждением более высокого генетического продуктивного потенциала этой группы животных.

Полученные нами результаты по встречаемости генотипов в ленинградской популяции зааненских коз согласуются с исследованиями (Крутиковой А.А., 2019 г.), где частота гомозиготного генотипа ТТ составила (0,63), встречаемость гетерозиготного генотипа СТ=0,35, самым редким оказался гомозиготный генотип СС (0,02).

Заключение.

По результатам проведенных исследований наиболее распространенным выявлен гомозиготный генотип ТТ, частота встречаемости которого увеличивается во временном аспекте. Анализ фенотипических показателей и EBV (BLUP) хозяйственно полезных признаков зааненских коз с различными генотипами не показал достоверных различий как в целом по генотипам, так и с учетом года рождения. Но при этом гомозиготные козы отличаются более высоким удоем, а гетерозиготные – жирностью молока. Оценка EBV по удою (+12 и +15 против +7 кг) у коз с гетерозиготным генотипом ТС может быть подтверждением более высокого генетического продуктивного потенциала этой группы животных.

Список источников

1. Ежегодник по племенной работе в овцеводстве и козоводстве в хозяйствах Российской Федерации (2024 год). М.: Изд-во ФГБНУ ВНИИплем, 2025. 311 с. [Ezhegodnik po plemennoi rabote v ovtsevodstve i kozovodstve v khozyaistvakh Rossiiskoi Federatsii (2024 god). Moscow: Izd-vo FGBNU VNIIPlem; 2025:311 p. (*In Russ.*)].
2. Пегливанян Г.К., Тулинова О.В. Ген каппа-казеина как фактор качества и сыропригодности молока разных пород коз (обзор) // Животноводство и кормопроизводство. 2025. Т. 108. №. 2. С. 87-102. [Peglivanyan GK, Tulinova OV. The kappa-casein gene as a factor in the quality and suitability of milk from different goat breeds (review). *Animal Husbandry and Fodder Production*. 2025;108(2):87-102. (*In Russ.*)]. doi: 10.33284/2658-3135-108-2-87
3. Полиморфизм гена каппа-казеина коз зааненской породы / А.А. Крутикова, Е.В. Никиткина, С.В. Тимофеева, А.А. Мусидрай // Молочное и мясное скотоводство. 2019. №. 7. С. 31-34. [Krutikova AA, Nikitkina EV, Timofeeva SV, Musidray A.A. Polymorphism of the kappa-casein gene in Saanen goats. *Journal of Dairy and Beef Cattle Breeding*. 2019;7:31-34. (*In Russ.*)].
4. Barłowska J, Wolanciuk A, Litwińczuk Z, Król J. Milk proteins' polymorphism in various species of animals associated with milk production utility. In: Hurley W, editors. *Milk Protein*. InTechOpen; 2012:235-264. doi: 10.5772/50715
5. Dalgleish DG. On the structural models of bovine casein micelles—review and possible improvements. *Soft Matter*. 2011;7(6):2265-2272. doi: 10.1039/C0SM00806K

6. Figueiredo RQ, Del Ser SD, Raschka T, Hofmann-Apitius M, Kodamullil AT, Mubeen S, Domingo-Fernández D. Elucidating gene expression patterns across multiple biological contexts through a large-scale investigation of transcriptomic datasets. *BMC Bioinformatics*. 2022;23(1):231. doi: 10.1186/s12859-022-04765-0
7. Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO) [Internet]. FAOSTAT. Available from: <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL/visualize> (cited 08.12.2025).
8. Fox PF, Brodtkorb A. The casein micelle: Historical aspects, current concepts and significance. *International Dairy Journal*. 2008;18(7):677-684. doi: 10.1016/j.idairyj.2008.03.002
9. Gebreselase HB, Nigussie H, Wang C, Luo C. Genetic diversity, population structure and selection signature in begait goats revealed by whole-genome sequencing. *Animals*. 2024;14(2):307. doi: 10.3390/ani14020307
10. Huppertz T. Chemistry of the caseins. In: McSweeney P, Fox P, editors. *Advanced dairy chemistry*. 4th edition. Boston, MA: Springer US; 2012:135-160. doi: 10.1007/978-1-4614-4714-6_4
11. Luigi-Sierra MG, Martínez A, Macri M, Delgado JV, Castelló A, Alvarez JF, Amills M, et al. Single and longitudinal genome-wide association studies for dairy traits available in goats with three recorded lactations. *Animal Genetics*. 2024;55(2):257-264. doi: 10.1111/age.13391
12. Menchetti L, Padalino B. Welfare assessment in dromedary camels. In: Padalino B, Faye B, editors. *Dromedary camel behavior and welfare*. *Animal Welfare*, vol 24. Springer, Cham. 2024:31-53. https://doi.org/10.1007/978-3-031-48600-5_3
13. Misztal I, Tsuruta S, Strabel T, Auvray B, Druet T, Lee D.H. BLUPF90 and related programs (BGF90). 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, August 19-23, 2002. France: Montpellier; 2002.
14. Safdar M, Kaleem M, Duarte PM, Tazerji SS, Ozaslan M, Hassanpour S, Rizwan MA. Review on optimizing dairy sector efficiency: Integrating of genetic markers with managerial techniques. *Ecological Genetics and Genomics*. 2024;32:100259. doi: 10.1016/j.egg.2024.100259
15. Saleh AA, Hassan TG, El-Hedainy DK, El-Barbary AS, Sharaby MA, Hafez E E, Rashad AM. IGF-I and GH Genes polymorphism and their association with milk yields, composition and reproductive performance in Holstein–Friesian dairy cattle. *BMC Veterinary Research*. 2024;20(1):341. doi: 10.1186/s12917-024-04188-4
16. Selli A, Miller SP, Ventura RV. The use of interactive visualizations for tracking haplotypic inheritance in livestock. *Ruminants*. 2024;4(1):90-111. doi: 10.3390/ruminants4010006
17. Yang X, Li Q, Wang Y, Wang J, Hu J, Ji Z, Chao T. Research progress on genomic regions and candidate genes related to milk composition traits of dairy goats based on functional genomics: A narrative review. *Genes*. 2024;15(10):1341. doi: 10.3390/genes15101341

References

1. Yearbook on breeding work in sheep and goat breeding in farms of the Russian Federation (2024). Moscow: Publishing house of All-Russia Research institute for Animal Breeding; 2025:311 p.
2. Peglivanyan GK, Tulinova OV. The kappa-casein gene as a factor in the quality and suitability of milk from different goat breeds (review). *Animal Husbandry and Fodder Production*. 2025;108(2):87-102. doi: 10.33284/2658-3135-108-2-87
3. Krutikova AA, Nikitkina EV, Timofeeva SV, Musidray A.A. Polymorphism of the kappa-casein gene in Saanen goats. *Journal of Dairy and Beef Cattle Breeding*. 2019;7:31-34.
4. Barłowska J, Wolanciuk A, Litwińczuk Z, Król J. Milk proteins' polymorphism in various species of animals associated with milk production utility. In: Hurley W, editors. *Milk Protein*. InTechOpen; 2012:235-264. doi: 10.5772/50715
5. Dalgleish DG. On the structural models of bovine casein micelles—review and possible improvements. *Soft Matter*. 2011;7(6):2265-2272. doi: 10.1039/C0SM00806K

6. Figueiredo RQ, Del Ser SD, Raschka T, Hofmann-Apitius M, Kodamullil AT, Mubeen S, Domingo-Fernández D. Elucidating gene expression patterns across multiple biological contexts through a large-scale investigation of transcriptomic datasets. *BMC Bioinformatics*. 2022;23(1):231. doi: 10.1186/s12859-022-04765-0
7. Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO) [Internet]. FAOSTAT. Available from: <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL/visualize> (cited 08.12.2025).
8. Fox PF, Brodtkorb A. The casein micelle: Historical aspects, current concepts and significance. *International Dairy Journal*. 2008;18(7):677-684. doi: 10.1016/j.idairyj.2008.03.002
9. Gebreselase HB, Nigussie H, Wang C, Luo C. Genetic diversity, population structure and selection signature in begait goats revealed by whole-genome sequencing. *Animals*. 2024;14(2):307. doi: 10.3390/ani14020307
10. Huppertz T. Chemistry of the caseins. In: McSweeney P, Fox P, editors. *Advanced dairy chemistry*. 4th edition. Boston, MA: Springer US; 2012:135-160. doi: 10.1007/978-1-4614-4714-6_4
11. Luigi-Sierra MG, Martínez A, Macri M, Delgado JV, Castelló A, Alvarez JF, Amills M, et al. Single and longitudinal genome-wide association studies for dairy traits available in goats with three recorded lactations. *Animal Genetics*. 2024;55(2):257-264. doi: 10.1111/age.13391
12. Menchetti L, Padalino B. Welfare assessment in dromedary camels. In: Padalino B, Faye B, editors. *Dromedary camel behavior and welfare*. *Animal Welfare*, vol 24. Springer, Cham. 2024:31-53. https://doi.org/10.1007/978-3-031-48600-5_3
13. Misztal I, Tsuruta S, Strabel T, Auvray B, Druet T, Lee D.H. BLUPF90 and related programs (BGF90). 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, August 19-23, 2002. France: Montpellier; 2002.
14. Safdar M, Kaleem M, Duarte PM, Tazerji SS, Ozaslan M, Hassanpour S, Rizwan MA. Review on optimizing dairy sector efficiency: Integrating of genetic markers with managerial techniques. *Ecological Genetics and Genomics*. 2024;32:100259. doi: 10.1016/j.egg.2024.100259
15. Saleh AA, Hassan TG, El-Hedainy DK, El-Barbary AS, Sharaby MA, Hafez E E, Rashad AM. IGF-I and GH Genes polymorphism and their association with milk yields, composition and reproductive performance in Holstein–Friesian dairy cattle. *BMC Veterinary Research*. 2024;20(1):341. doi: 10.1186/s12917-024-04188-4
16. Selli A, Miller SP, Ventura RV. The use of interactive visualizations for tracking haplotypic inheritance in livestock. *Ruminants*. 2024;4(1):90-111. doi: 10.3390/ruminants4010006
17. Yang X, Li Q, Wang Y, Wang J, Hu J, Ji Z, Chao T. Research progress on genomic regions and candidate genes related to milk composition traits of dairy goats based on functional genomics: A narrative review. *Genes*. 2024;15(10):1341. doi: 10.3390/genes15101341

Информация об авторах:

Григорий Карапетович Пегливанян, младший научный сотрудник лаборатории молекулярной генетики, Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных – филиал Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста», 196625, г. Санкт-Петербург, пос. Тярлево, Московское шоссе, д. 55а, тел.: +7 (981) 7652181.

Елена Анатольевна Романова, научный сотрудник лаборатории популяционной генетики и разведения животных, Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных – филиал Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста», 196625, г. Санкт-Петербург, пос. Тярлево, Московское шоссе, д. 55а, тел.: +7 (960) 250-18-98.

Ольга Васильевна Тулинова, кандидат сельскохозяйственных наук, ведущий научный сотрудник лаборатории популяционной генетики и разведения животных, Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных – филиал Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста», 196625, г. Санкт-Петербург, пос. Тярлево, Московское шоссе, д. 55а, тел.: +7 (921) 305-80-06.

Information about the authors:

Grigory K Peglivanyan, Junior Researcher Laboratory of Molecular Genetics, Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding – Branch of the LK Ernst Federal Science Center for Animal Husbandry, St. Petersburg, Tyarlevo, Moscow highway, 55a, 196625, tel.: +7 (981) 7652181.

Elena A Romanova, Researcher Laboratory of Population Genetics and Animal Breeding, Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding – Branch of the LK Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry, St. Petersburg, Tyarlevo, Moscow highway, 55a, 196625, tel.: +77 (960) 250-18-98.

Olga V Tulinova, Cand. Sci. (Agriculture), Leading Researcher Laboratory of Genetics and Cattle Breeding, Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding – Branch of the LK Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry, St. Petersburg, Tyarlevo, Moscow highway, 55a, 196625, tel.: +7 (921) 305-80-06.

Статья поступила в редакцию 11.12.2025; одобрена после рецензирования 06.02.2026; принята к публикации 16.03.2026.

The article was submitted 11.12.2025; approved after reviewing 06.02.2026; accepted for publication 16.03.2026.