Аграрный научный журнал. 2025. № 11. С. 81–87
Agrarian Scientific Journal. 2025;(11):81–87

ЗООТЕХНИЯ И ВЕТЕРИНАРИЯ
4.2.5. Разведение, селекция, генетика и биотехнология животных

Научная статья
УДК 636.2.033:575.113
https://doi.org/10.28983/asj.y2025i11pp81-87

# Оценка генетического разнообразия по генам *PRL*, *CSN3* и *BLG* голштинского скота голландской селекции

**Жираслан Хаутиевич Курашев[1], Владимир Аникеевич Погодаев[2], Константин Нимбона[3], Алий-бек Данильбекович Хаудов[1]**
[1]Кабардино-Балкарский научный центр Российской академии наук, г. Нальчик, Россия
[2]Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр, Ставропольский край, г. Михайловск, Россия
[3]Университет Бурунди, г. Бужумбура, Республика Бурунди
e-mail: kbncran@mail.ru

***Аннотация.*** Повышение эффективности молочного скотоводства требует углубленного изучения генетических основ продуктивности и качества молока. Гены пролактина (*PRL*), каппа-казеина (*CSN3*) и бета-лактоглобулина (*BLG*) являются ключевыми маркерами этих признаков у крупного рогатого скота. В ходе исследования устанавливали частоты полиморфных вариантов генов *PRL*, *CSN3* и *BLG* и проводили анализ генетической структуры группы голштинских коров голландского происхождения ($n$ = 67), импортированных в Кабардино-Балкарскую Республику. Генотипирование проводили методом аллель-специфичной ПЦР с использованием оригинальных праймеров. Для гена *PRL* зафиксировано резкое преобладание аллеля А (частота 0,858) и генотипа АА (79,1 %), что сопровождалось недостатком гетерозиготных особей (Fis = 0,448) и статистически значимым отклонением от равновесия Харди-Вайнберга ($p$<0,001). Для гена *CSN3* выявлено сбалансированное распределение аллелей *A* и *B* (0,507 и 0,493), но также зафиксирован значимый дефицит гетерозигот (Но = 0,328, Не = 0,499, Fis = 0,343, $p$ = 0,004). По локусу *BLG* популяция соответствовала равновесию Харди – Вайнберга (Fis = 0,141, $p$>0,248) при преобладании аллеля *A* (0,724). Полученные результаты отражают уникальную генетическую организацию исследованной группы импортных животных, демонстрируя выраженный дисбаланс для генов *PRL* и *CSN3*. Наличие аллелей *B* генов *CSN3* и *BLG*, ассоциированных с улучшенными технологическими свойствами молока, указывает на селекционный потенциал популяции. Результаты формируют основу для мониторинга динамики аллельных частот и разработки стратегий управления генетическим разнообразием в процессе адаптации и селекции голштинского скота.

***Ключевые слова:*** голштинская порода, генетический полиморфизм, пролактин (*PRL*), каппа-казеин (*CSN3*), бета-лактоглобулин (*BLG*), аллель-специфичная ПЦР

***Для цитирования:*** Курашев Ж. Х., Погодаев В. А., Нимбона К., Хаудов А. Д. Оценка генетического разнообразия по генам *PRL*, *CSN3* и *BLG* голштинского скота голландской селекции // Аграрный научный журнал. 2025. № 11. С. 81–87. https://doi.org/10.28983/asj.y2025i11pp81-87.

ZOOTECHNICS AND VETERINARY MEDICINE

Original article

# Assessment of genetic diversity at *PRL*, *CSN3* and *BLG* genes in Holstein Cattle of Dutch breeding origin

**Zhiraslan Kh. Kurashev[1], Vladimir A. Pogodaev[2], Constantin Nimbona[2], Aliy-bek D. Khaudov[1]**
[1]Kabardino-Balkarian Scientific Center of the Russian Academy of Sciences, Nalchik, Russia
[2]North Caucasus Federal Agrarian Research Centre, Stavropol territory, Mikhailovsk, Russia
[3]University of Burundi, Bujumbura, Republic of Burundi
e-mail: kbncran@mail.ru

***Abstract. E****nhancing the efficiency of dairy cattle farming requires an in-depth investigation of the genetic foundations of milk productivity and quality. The prolactin (*PRL*), kappa-casein (*CSN3*), and beta-lactoglobulin (*BLG*) genes serve as key markers for these traits in cattle. This study established the frequencies of polymorphic variants in the *PRL*, *CSN3*, and *BLG* genes and to analyze the genetic structure of a group of Holstein cows of Dutch origin ($n$ = 67) imported into the Kabardino-Balkarian Republic. Genotyping was performed using allele-specific *PCR* with original primers. For the *PRL* gene, a marked predominance of allele A (frequency 0,858)*

© Курашев Ж. Х., Погодаев В. А., Нимбона К., Хаудов А. Д., 2025

and genotype AA (79,1 %) was observed. This was accompanied by a deficiency of heterozygous individuals (Fis = 0,448) and a statistically significant deviation from Hardy-Weinberg equilibrium ($p < 0,001$). Regarding the *CSN3* gene, a balanced distribution of alleles A and B (0,507 and 0,493) was detected, but a significant deficiency of heterozygotes was also recorded (Ho = 0,328, He = 0,499, Fis = 0,343, p = 0,004). For the *BLG* locus, the population conformed to Hardy-Weinberg equilibrium (Fis = 0,141, $p > 0,248$), with allele A predominating (0,724). The results reflect the unique genetic organization of the studied group of imported animals, revealing a significant imbalance for the *PRL* and *CSN3* genes. The presence of B alleles of the *CSN3* and *BLG* genes, which are associated with improved milk technological properties, indicates the breeding potential of the population. These findings form the basis for monitoring allelic frequency dynamics and developing strategies for managing genetic diversity during the adaptation and selection of Holstein cattle within breeding programs.

***Keywords:*** holstein breed, genetic polymorphism, prolactin (*PRL*), kappa-casein (*CSN3*), beta-lactoglobulin (*BLG*), allele-specific *PCR*

***For citation:*** Kurashev Zh. Kh., Pogodaev V. A., Nimbona C., Khaudov A. D. Assessment of genetic diversity at *PRL*, *CSN3* and *BLG* genes in Holstein Cattle of Dutch breeding origin. *Agrarnyy nauchnyy zhurnal = Agrarian Scientific Journal*. 2025;(11):81–87. (In Russ.). https://doi.org/10.28983/asj.y2025i11pp81-87.

***Введение.*** Голштинская порода крупного рогатого скота является мировым лидером в молочном животноводстве благодаря своей исключительно высокой продуктивности [13]. Животные обладают мощным телосложением, характерной черно-пестрой мастью (реже красно-пестрыми вариациями) и высокими приспособительными качествами к разнообразным климатическим зонам и технологиям интенсивного животноводства [7]. Эти характеристики обусловили ее широкое использование в селекционных программах по улучшению местных пород по всему миру [7]. Учитывая ключевую роль голштинов в молочном производстве, изучение генетических основ их высокой продуктивности представляет особый научный и практический интерес.

В сфере генетических исследований, сфокусированных на сельскохозяйственных животных, первостепенное внимание уделяется идентификации генов, определяющих хозяйственно ценные признаки, представляющие особую значимость для селекционных программ. Ключевым направлением в области молочного скотоводства выступает исследование генетических факторов, способных оказывать влияние на изменчивость показателей удоя и качественный состав молока [3]. Особый интерес для исследований представляют гены, кодирующие белки молока: каппа-казеин (*CSN3*), пролактин (*PRL*) и β-лактоглобулин (*BLG*). Их полиморфизм, как показано в научной литературе, тесно связан с вариациями показателей молочной продуктивности у специализированных молочных пород [4].

Качество молока во многом определяется генами казеинового кластера (*CSN*). Локализованные на 6-й хромосоме гены αs1-, β-, к- и αs2-казеина кодируют основные молочные белки, на долю которых приходится приблизительно 80 % всего протеина молока [15]. Казеины не только являются важным источником питательных веществ, но и во многом определяют технологические свойства молока, включая его способность к свертыванию и пригодность для производства сыра. В частности, ген каппа-казеина (к-CN, или *CSN3*) представляет особый интерес для исследователей и селекционеров. Полиморфизм гена *CSN3*, особенно наличие аллелей *A* и *B*, оказывает значительное влияние на состав молока, вязкость сырного сгустка и эффективность сыроделия. Повышенный выход белка и улучшенные свойства коагуляции молока, характерные для носителей аллеля *B* гена *CSN3*, подчеркивают его значимость как маркера в селекционной работе с молочным скотом [9]. Детальное изучение полиморфизма генов казеинов открывает перспективы для управления качественными характеристиками молока на генетическом уровне.

Пролактин (*PRL*) – полипептидный гормон, секретируемый лактотрофами передней доли гипофиза, играющий центральную роль в регуляции лактации у млекопитающих [16]. Ген *PRL* расположен на 23-й хромосоме крупного рогатого скота, и его экспрессия находится под сложным контролем различных факторов [6]. Наличие аллелей *A* или *B* в гене *PRL* детерминирует вариации в концентрации пролактина и ответе тканей-мишеней, формируя различия в продуктивности и составе молока [2]. Хотя аллель *B* демонстрирует более стабильную связь с высокими удоями у разных пород, подтверждая его селекционную релевантность, эффект аллеля *A* носит гетерогенный характер и часто ограничивается специфическими параметрами состава молока [18]. Ключевым аспектом является породная, генетическая и средовая обусловленность проявления эффектов обоих аллелей [19].

Ген β-лактоглобулина (*BLG*) принадлежит к числу наиболее изученных генетических маркеров, ассоциированных с качественными и технологическими свойствами молока у жвачных животных. Кодируемый им белок β-лактоглобулин (*BLG*) является преобладающим сывороточным протеином молока коров, буйволов, овец и коз, составляя до 50 % от общего содержания сывороточных белков и около 12 % от общего пула молочных белков [15]. В отличие от казеинов, *BLG* отсутствует в молоке человека и некоторых других млекопитающих, что эволюционно связывает его с функциональными особенностями пищеварения жвачных [8]. Молекулярная структура *BLG* относится к суперсемейству липокалинов, характеризующихся наличием гидрофобного кармана, способного связывать низкомолекулярные лиганды: ретинол (витамин А), витамин D, жирные кислоты и ионы цинка [15]. Эта уникальная особенность определяет не только его биологическую роль в транспорте нутриентов, но и иммуномодулирующие свойства.

Влияние полиморфизма *BLG* на признаки молока обеспечило этому локусу устойчивый интерес со стороны селекционеров. Биаллельная вариабельность (*A/B*) служит молекулярной основой для дифференциации продуктивных качеств [1]. Накопленные экспериментальные данные однозначно указывают на то, что аллель *B* служит генетическим фактором, ассоциированным с ростом белкового компонента и повышением сыропригодности (кинетика коагуляции, эффективность переработки) [1].

В последние годы благодаря стремительному прогрессу в области технологий геномной селекции появилась возможность проводить одновременный анализ и учет совокупного вклада множества генов в формирование фенотипических признаков [14]. Однако, несмотря на это, понимание роли так называемых «крупных» генов, к которым, в частности, относятся *CSN3*, *PRL* и *BLG*, по-прежнему сохраняет свою значимость для расшифровки генетической архитектуры, лежащей в основе показателей молочной продуктивности и характеристик качества молока. Эти знания, кроме того, могут оказаться весьма ценными при разработке и оптимизации стратегий, применяемых в рамках геномной селекции [12].

Целью работы являлось определение частот встречаемости полиморфных аллелей генов *CSN3*, *PRL*, *BLG* и оценка генетической структуры изучаемой популяции голштинского скота.

***Материалы и методы.*** В исследовании использовали образцы цельной крови, отобранные от 67 коров голштинской породы нидерландской селекции, импортированных в крестьянско-фермерское хозяйство «Купшинов М.Т.» (Прохладненский район Кабардино-Балкарской Республики). На момент забора проб все животные находились на второй лактации. Выборку формировали случайным образом из общего поголовья импортированных коров второй лактации, является репрезентативной для данной группы. Забор крови осуществляли из хвостовой вены с использованием современных вакуумных пробирок (6 мл), содержащих K3EDTA.

Геномную ДНК экстрагировали из лейкоцитов крови с применением набора «ДНК-Экстран-1» (производитель «Синтол», Россия). Полимеразную цепную реакцию выполняли на амплификаторе T100 (Biorad, США). Для детекции аллельных вариантов генов *PRL*, *CSN3* и *BLG* была разработана система аллель-специфической ПЦР. Выбор данного метода, в отличие от широко используемого ПДРФ-анализа, был обусловлен его преимуществами: экономичностью (отсутствие затрат на дорогостоящие рестрикционные ферменты), скоростью проведения (исключение стадии рестрикции и связанной с ней дополнительной инкубации) и, что особенно важно, отсутствием риска неполной рестрикции, который может приводить к ложной интерпретации. Разработанные праймерные пары, их специфичность и нуклеотидные последовательности представлены в таблице 1.

**Таблица 1 – Характеристики олигонуклеотидных праймеров для аллель-специфической ПЦР**

**Table 1 – Characteristics of oligonucleotide primers for allele-specific PCR**

| Ген | Обозначение | Специфичность | Последовательность (5'→3') |
|---|---|---|---|
| *BLG* | LGB_F | Общий | CTGGTTGTGGGGGGTGCTG |
| | LGB_RB | Аллель *B* | CACCCAGGCACTGGCAGG |
| | LGB_RA | Аллель *A* | CACCCAGGCACTGGCAGA |

Окончание таблицы 1

| Ген | Обозначение | Специфичность | Последовательность (5'→3') |
|---|---|---|---|
| *CSN3* | CSN3_F | Общий | GGTCACCTGCCCAAATTCTTC |
| | CSN3_RA | Аллель *A* | GGCTCTCAATAACTTCTGGAGAAT |
| | CSN3_RB | Аллель *B* | GGCTCTCAATAACTTCTGGAGAAG |
| *PRL* | PRL_F | Общий | GTGGTTGTTCAGCATGAAGTCC |
| | PRL_RA | Аллель *A* | GGCTCCTTTCATACCCCGT |
| | PRL_RB | Аллель *B* | GGCTCCTTTCATACCCCGC |

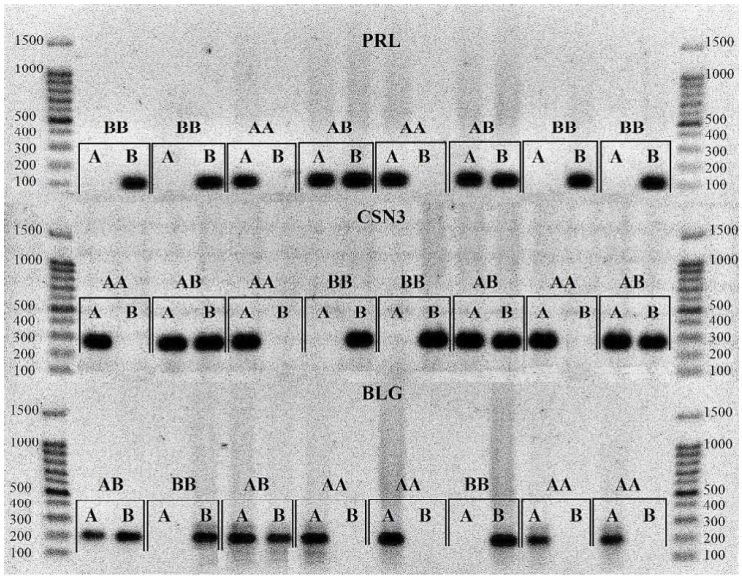
Реакционная смесь для амплификации гена *BLG* (объем 25 мкл) включала в себя 1× ПЦР-буфер, 2,5 мМ MgCl, 0,2 мМ каждого дНТФ, 0,2 мкМ каждого праймера, 0,5 ед. Taq ДНК-полимеразы, 50 нг матричной ДНК. Условия ПЦР: начальная денатурация при 95 °С в течение 5 мин; 35 циклов, включая денатурацию при 95 °С (30 с), отжиг при специфической для аллеля температуре (30 с) и элонгацию при 72 °С (25 с); финальная элонгация 5 мин при 72 °С. Для детекции аллеля *B* использовали пару праймеров LGB_F/LGB_RB с температурой отжига 63,7 °С, для аллеля *A* – пару LGB_F/LGB_RA с температурой отжига 62,5 °С. Ожидаемый размер ампликона составлял 196 п.н.

Для гена *CSN3* состав реакционной смеси и общие параметры амплификации были идентичны таковым для *BLG*, за исключением температуры отжига и времени элонгации (30 с). Для аллеля *A* применяли пару праймеров CSN3_F/CSN3_RA с температурой отжига 63,0 °С, для аллеля *B* – пару CSN3_F/CSN3_RB с температурой отжига 63,5 °С. Размер специфического ампликона составлял 264 п.н.

Для гена *PRL* (пролактин) условия реакции и параметры циклов были идентичны *CSN3*. Для детекции аллеля *A* использовали пару PRL_F/PRL_RA с температурой отжига 59,0 °С, для аллеля *B* – пару PRL_F/PRL_RB с температурой отжига 62,5 °С. Продукт амплификации имел длину 108 п.н.

Разработку специфичных олигонуклеотидных праймеров для последующей аллель-дифференцирующей ПЦР выполнили *de novo* с использованием программного комплекса Unipro UGENE версии 50.0 (УНИПРО, Россия). Проектирование праймерных последовательностей базировалось на актуальной референсной сборке генома *Bos taurus* (GCA_002263795.4) из базы данных NCBI. Дополнительная валидация, направленная на проверку специфичности связывания и исключение нецелевых амплификаций, включала в себя два подхода: компьютерное моделирование ПЦР (*in silico* PCR) и анализ возможных перекрестных реакций с использованием онлайн-ресурса Primer-BLAST (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/primer-blast).

Продукты ПЦР анализировали путем электрофореза в 2%-м агарозном геле. ДНК-фрагменты визуализировали под УФ-излучением после окрашивания геля бромистым этидием. Генотипирование проводили по наличию на геле ампликонов ожидаемого размера (см. рисунок).




***Электрофореграмма, демонстрирующая генотипы генов PRL, CSN3 и BLG***

***Electropherogram showing the genotypes of the PRL, CSN3 and BLG genes***

Статистический анализ включал в себя расчет частот аллелей и генотипов, наблюдаемой гетерозиготности (Но), ожидаемой гетерозиготности (Не), индекса фиксации (Fis) и соответствия распределения генотипов равновесию Харди – Вайнберга (критерий $\chi^2$). Все вычисления выполняли с использованием пакета Pegas [17] в программной среде R.

***Результаты исследований.*** В ходе работы изучали полиморфизм генов *CSN3*, *PRL* и *BLG*, имеющих важное значение для молочной продуктивности и качества молока голштинского скота. Полученные данные генотипирования 67 голов представлены в таблице 2.

**Таблица 2 – Распределение генотипов и частоты аллелей по генам *PRL*, *CSN3* и *BLG***

**Table 2 – Genotypes and allele frequencies at *PRL*, *CSN3* and *BLG* genes**

| Ген | Частота встречаемости | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| | аллелей | | генотипов, % | | |
| *PRL* | *A* | *B* | *AA* | *AB* | *BB* |
| | 0,858 | 0,142 | 79,1 | 13,4 | 7,5 |
| *CSN* | *A* | *B* | *AA* | *AB* | *BB* |
| | 0,507 | 0,493 | 34,4 | 32,8 | 32,8 |
| *BLG* | *A* | *B* | *AA* | *AB* | *BB* |
| | 0,724 | 0,276 | 55,2 | 34,3 | 10,5 |

Выраженное преобладание аллеля *A* (0,858) и гомозиготного генотипа *AA* (79,1 %) выявлено для гена *PRL*. В случае гена *CSN3* частоты аллелей *A* (0,507) и *B* (0,493) оказались близкими, что сопровождалось относительно равномерным распределением генотипов *AA* (34,4 %), *AB* (32,8 %) и *BB* (32,8 %). Анализ локуса *BLG* выявил доминирование аллеля *A* (частота 0,724), при этом генотип АА (55,2 %) был наиболее распространенным. Подобное превалирование аллеля *A* гена *BLG* характерно для множества популяций голштинской породы [4, 9], что согласуется с полученными результатами. Для оценки уровня генетического разнообразия в изучаемой популяции голштинского скота были проведены расчеты ключевых параметров: наблюдаемой (Но) и ожидаемой (Не) гетерозиготности, а также индекса фиксации Fis. Полученные результаты представлены в таблице 3.

**Таблица 3 – Параметры генетической изменчивости и показатели соответствия принципу Харди – Вайнберга**

**Table 3 – Genetic variability parameters and indices ofconformity to the Hardy-Weinberg principle**

| Ген | Но | Не | $\chi^2$ | df* | p-value | $F_{is}$ |
|---|---|---|---|---|---|---|
| *PRL* | 0,135 | 0,243 | 13,451 | 1 | 0,0003 | 0,448 |
| *CSN* | 0,328 | 0,499 | 7,889 | 1 | 0,004 | 0,343 |
| *BLG* | 0,343 | 0,399 | 1,337 | 1 | 0,248 | 0,141 |

*df – степени свободы для теста $\chi^2$ на соответствие HWE.

Анализ данных таблицы 3 по гену *PRL* выявил существенное расхождение: наблюдаемая гетерозиготность (Но = 0,135) оказалась значительно ниже ожидаемого уровня (Не = 0,243). Высокое положительное значение индекса фиксации (Fis = 0,448) служит прямым индикатором выраженного дефицита гетерозиготных особей в популяции. Статистическая значимость этого дисбаланса была подтверждена критерием $\chi^2$ ($\chi^2$ = 13,451, $p$ = 0,0003), однозначно указывая на отклонение от равновесия Харди – Вайнберга для локуса *PRL*.

Несмотря на почти равные частоты аллелей *A* и *B* гена *CSN3*, анализ генетического разнообразия показал, что наблюдаемая гетерозиготность (Но = 0,328) была существенно ниже ожидаемой (Не = 0,499). Полученный индекс фиксации Fis = 0,343 подтвердил наличие дефицита гетерозигот. Статистический анализ ($\chi^2$ = 7,889, $p$ = 0,004) достоверно установил нарушение равновесия Харди – Вайнберга для этого локуса, аналогично выявленному для *PRL*.

Локус *BLG* характеризовался меньшим дисбалансом: наблюдаемая гетерозиготность (Но = 0,343) лишь немного уступала ожидаемой (Не = 0,399), что выразилось в относительно низком положительном индексе фиксации Fis = 0,141. Критически статистический критерий $\chi^2$ ($\chi^2$ = 1,337, p-value = 0,248) не выявил достоверного отличия между этими показателями. Таким образом, для гена *BLG* в данной выборке отсутствовали статистически значимые основания предполагать отклонение от равновесия Харди – Вайнберга.

Выявленный значительный дефицит гетерозиготности по локусам *PRL* и *CSN3*, контрастирующий с равновесием по *BLG*, требует объяснения. Такой генетический дисбаланс в импортированной популяции может быть следствием нескольких факторов. Наиболее вероятными представляются такие, как действие направленного отбора (возможно, в пользу определенных аллелей в недавнем прошлом популяции или стада), эффект основателя или умеренный инбридинг. Это требует дальнейшего изучения, возможно, с привлечением более широкого набора маркеров или данных о родословных.

Сопоставление результатов, полученных в настоящей работе, с данными, опубликованными другими авторами, выявляет как определенные сходства, так и некоторые различия.

В отношении гена *PRL* в исследовании на холмогорской и голштинской породах молочного скота отечественной селекции частота аллеля *A* была выше, чем аллеля *B*, что согласуется с нашими результатами [4]. Однако в исследованиях, проводившихся на румынской бурой породе по гену *PRL*, отмечалась относительно равная частота аллелей [18]. Что касается гена *CSN3*, исследования показали значительную изменчивость частот аллелей *A* и *B* в зависимости от породы и географического региона [11]. В нашем исследовании частоты аллелей *A* и *B* гена *CSN3* оказались достаточно близкими, однако выявленный значительный дефицит гетерозигот указывает на отклонение от равновесного состояния в популяции по этому локусу.

Полученные нами частоты аллелей гена *BLG* (*A* = 0,724, *B* = 0,276) согласуются с рядом исследований голштинского скота, где также отмечается преобладание *A*-аллеля [1, 9]. Однако наблюдаются и различия между популяциями. Например, в некоторых исследованиях голштинского скота отечественной селекции [4, 5] или других пород [20] частота *B*-аллеля может быть выше или ниже. Эти различия подчеркивают влияние региональных селекционных программ, генетического дрейфа и исходного генетического материала на аллельный спектр.

Вероятно, что наблюдаемые межпопуляционные различия в частотах встречаемости аллелей и генотипов детерминированы целым комплексом факторов. В их числе можно отметить специфику направлений селекционной работы, влияние случайного дрейфа генов, эффект основателя, а также особенности происхождения животных, вовлеченных в исследование.

***Заключение.*** В результате проведенного исследования установлены частотные характеристики аллелей и генотипов по ключевым генам молочной продуктивности (*PRL*, *CSN3*, *BLG*) в популяции голштинского скота голландской селекции. Основным результатом является выявление выраженного доминирования аллеля *A* гена *PRL* с частотой 0,858 и соответствующего генотипа *AA* (79,1 %), сопровождающегося статистически значимым дефицитом гетерозигот (Fis = 0,448). Для гена каппа-казеина (*CSN3*) установлено сбалансированное распределение аллельных вариантов (*A* – 0,507; *B* – 0,493), однако также зафиксировано значимое отклонение от равновесия Харди – Вайнберга, выражающееся в дефиците гетерозигот (Fis = 0,343). В отличие от первых двух локусов популяция по гену β-лактоглобулина (*BLG*) находится в состоянии равновесия Харди – Вайнберга (Fis = 0,141, $p$>0,248) при преобладании аллеля *A* (0,724).

Полученные данные характеризуют исходную генетическую структуру изученной импортированной популяции и формируют основу для дальнейшей селекционной работы с данной популяцией. Они также имеют значение для разработки стратегий, направленных на сохранение генетического разнообразия, и инициируют необходимость дальнейшего углубленного изучения причин выявленного дефицита гетерозиготности по генам *PRL* и *CSN3*. Важно отметить, что установленные частоты встречаемости аллеля *B* генов *CSN3* и *BLG*, ассоциированных в литературе с улучшенными технологическими свойствами молока, указывают на существующий потенциал для использования данной популяции в селекционной работе, ориентированной на повышение качественных показателей молочной продукции.

1. Афанасьева А. И., Сарычев В. А. Характеристика генетического профиля крупного рогатого скота черно-пестрой породы на основе ДНК-диагностики по генам каппа-казеина (CSN3), бета-лактоглобулина (BLG), альфа-лактальбумина (LALBA) и лептина (LEP) // Вестник Алтайского государственного аграрного университета. 2022. № 5(211). С. 48–52. [Afanasyeva A. I., Sarychev V. A. Characterization of the genetic profile of Black-and-White cattle based on DNA diagnostics of kappa-casein (CSN3), beta-lactoglobulin (BLG), alpha-lactalbumin (LALBA), and leptin (LEP) genes. *Bulletin of Altai State Agricultural University*. 2022;5(211):48–52. (In Russ.).]. DOI: 10.53083/1996-4277-2022-211-5-48-52.

2. Взаимосвязь полиморфных генов пролактина и соматотропина крупного рогатого скота с молочной продуктивностью / И. Ю. Долматова [и др.] // Вестник Башкирского государственного аграрного университета. 2020. № 1(53). С. 70–78. [Relationship between polymorphic genes of prolactin and somatotropin in cattle and milk productivity / I. Yu. Dolmatova, I. N. Ganieva, T. V. Kononenko, F. R. Valitov. *Bulletin of Bashkir State Agrarian University*. 2020;1(53): 70–78. (In Russ.)]. DOI: 10.31563/1684-7628-2020-53-1-70-78.

3. Влияние генотипов по ДНК-маркерам на показатели молочной продуктивности коров черно-пестрой породы / О. В. Костюнина [и др.] // Достижения науки и техники АПК. 2011. № 10. С. 33–34. [Influence of DNA marker genotypes on milk productivity indicators in Black-and-White cows / O. V. Kostyunina et al. *Achievements of Science and Technology in AIC*. 2011;(10):33–34. (In Russ.)].

4. Михалюк А. Н., Танана Л. А., Кузьмина Т. И. Ассоциация комплекса полиморфных вариантов генов DGAT1, GH, PRL и BLG с показателями молочной продуктивности коров голштинской породы молочного скота отечественной селекции // Генетика и разведение животных. 2023. № 1. С. 74–83. [Mikhalyuk A. N., Tanana L. A., Kuzmina T. I. Association of polymorphic variants of DGAT1, GH, PRL and BLG genes with milk productivity indicators in Holstein dairy cattle of domestic breeding. *Genetics and Animal Breeding*. 2023;(1):74–83. (In Russ.)]. DOI: 10.31043/2410-2733-2023-1-74-83.

5. Полиморфные варианты генов белкового обмена у голштинских коров / Ф. Ф. Зиннатов [и др.] // Вестник Марийского государственного университета. Серия: Сельскохозяйственные науки. Экономические науки. 2022. Т. 8. № 1(29). С. 25–34. [Polymorphic variants of protein metabolism genes in Holstein cows / F. F. Zinnatov, T. R. Yakupov, F. F. Zinnatova, R. R. Khisamov. *Bulletin of Mari State University. Series: Agricultural Sciences. Economic Sciences*. 2022;8;1(29):25–34. (In Russ.)]. DOI: 10.30914/2411-9687-2022-8-1-25-34.

6. Association of prolactin and β-lactoglobulin genes with milk production traits and somatic cell count among Indian Frieswal (HF × Sahiwal) cows / U. Singh, et al. *Biomarkers and Genomic Medicine*. 2015;7:38–42. DOI: 10.1016/j.bgm.2014.07.00.1

7. Assessment of the adaptive stability of the Holstein cows in the conditions of the ecological plasticity in northern Steppe of Ukraine / I. S. Pishchan et al. *Indian Journal of Animal Research*. 2021;55(9):1111–1115. DOI: 10.18805/ijar.B-1258.

8. CRISPR-mediated editing of β-lactoglobulin (BLG) gene in buffalo / A. Tara et al. *Scientific Reports*. 2024;14(1):14822. DOI: 10.1038/s41598-024-65359-9.

9. Effect of CSN3 gene polymorphism on the formation of milk gels induced by physical, chemical, and biotechnological factors / A. G. Kruchinin et al. *Foods*. 2023;12:1767. DOI: 10.3390/foods12091767.

10. Effects of β- and κ-casein, and β-lactoglobulin single and composite genotypes on milk composition and milk coagulation properties of Italian Holsteins assessed by FT-MIR / F. Cendron et al. *Italian Journal of Animal Science*. 2021;20(1):2243–2253. DOI: 10.1080/1828051x.2021.2011442.

11. Frequency distribution of polymorphisms on κ-casein and DGAT1 genes in dairy cattle used in Chilean milk production / D. Levicoy et al. *Austral Journal of Veterinary Sciences*. 2023;55(2):124–130. DOI: 10.4067/S0719-81322023000200124.

12. Genetic diversity of DGAT1 gene linked to milk production in cattle populations of Ethiopia / B. Samuel et al. *BMC Genomic Data*. 2022;23:64. DOI: 10.1186/s12863-022-01080-8.

13. Genetic Markers Associated with Milk Production and Thermotolerance in Holstein Dairy Cows Managed in a Heat-Stressed Environment / R. Zamorano-Algandar et al. *Biology*. 2023;12(5):679. DOI: 10.3390/biology12050679.

14. Goddard M. E., Hayes B. J. Mapping genes for complex traits in domestic animals and their use in breeding programmes. *Nature Reviews Genetics*. 2009;10(6):381–391. DOI: 10.1038/nrg2575.

15. Mayerhofer H., Zednik K., Pali-Schöll I. The extended farm effect: The milk protein β-lactoglobulin in stable dust protects against allergies. *Allergologie Select*. 2022;6;111–117. DOI: 10.5414/ALX02246E.

16. Olfactory marker protein regulates prolactin secretion and production by modulating $Ca^{2+}$ and TRH signaling in lactotrophs / C. W. Kang et al. *Experimental Molecular Medicine*. 2018;50:1–11. DOI: 10.1038/s12276-018-0035-z.

17. Paradis E. Pegas: an R package for population genetics with an integrated-modular approach. *Bioinformatics*. 2010;26(3):419–420. DOI: 10.1093/bioinformatics/btp696.

18. Polymorphism of the Prolactin (PRL) Gene and Its Effect on Milk Production Traits in Romanian Cattle Breeds / D. E. Ilie et al. *Veterinary Sciences*. 2023;10(4):275. DOI: 10.3390/vetsci10040275.

19. Sönmez Z., Özdemir M. Prolactin-RsaI gene polymorphism in East Anatolian Red cattle in Turkey. *South African Journal of Animal Science*. 2017;47(1):124–129.

20. The influence of genetic β-lactoglobulin polymorphism on the quantity and quality of milk of the simmental breed in Serbia / D. Nikšić et al. *Genetika*. 2021;53(1):263–270. DOI: 10.2298/GENSR2101263N.

*Статья поступила в редакцию 08.07.2025; одобрена после рецензирования 20.08.2025; принята к публикации 25.08.2025.*
*The article was submitted 08.07.2025; approved after reviewing 20.08.2025; accepted for publication 25.08.2025.*