


УДК 636.082.064

Дослідження поліморфізму гена капа-казеїну в популяції великої рогатої худоби, створених на материнській основі лебединської породи

Ладика В.І.¹ , Малікова А.І.¹ , Скляренко Ю.І.² , Павленко Ю.М.¹ 

¹ Сумський національний аграрний університет

² Інститут сільського господарства Північного Сходу НААН

 Скляренко Ю.І. E-mail: Sklyrenko9753@ukr.net



Ладика В.І., Малікова А.І., Скляренко Ю.І., Павленко Ю.М. Дослідження поліморфізму гена капа-казеїну в популяції великої рогатої худоби, створених на материнській основі лебединської породи. Збірник наукових праць «Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва», 2024. № 1. С. 64–70.

Ladyka V., Malikova A., Skliarenko Y., Pavlenko Y. The study of capa-casein gene polymorphism in cattle populations created on the maternal basis of the Lebedyn breed. «Animal Husbandry Products Production and Processing», 2024. № 1. PP. 64–70.

Рукопис отримано: 29.03.2024 р.

Прийнято: 11.04.2024 р.

Затверджено до друку: 24.05.2024 р.

doi: 10.33245/2310-9289-2024-186-1-64-70

У племінних стадах з розведення української бурої молочної породи та сумського внутрішньопородного типу української чорно-рябої молочної породи проведено наукові дослідження, метою яких було дослідити особливості поліморфізму гена капа-казеїну. Спільним у цих порід є походження від однієї автохтонної породи – лебединської. Робота зі створення цих порід відрізнялася використанням плідників різних порід, а саме – швіцької та голштинської. Проведено генотипування 60 голів корів (по 30 кожної породи). Визначення поліморфізму гена капа-казеїну проводили в генетичній лабораторії Інституту фізіології ім. Богомольця НАН за допомогою молекулярно-біологічного аналізу розпізнавання алелів методом полімеразної ланцюгової реакції (ПЛР) у реальному часі.

Встановлено, що більшою частотою бажаного гомозиготного генотипу ВВ відрізнялися корови української бурої молочної породи, вона складала 40 %. Більшою частотою гомозиготного генотипу АА характеризувалися корови сумського внутрішньопородного типу української чорно-рябої молочної породи (частка складала 68 %). Частка гетерозиготного генотипу АВ була вищою у корів української бурої молочної породи (48 %). Частота алеля В у тварин української бурої молочної породи складала 0,64, тоді, як у корів сумського внутрішньопородного типу української чорно-рябої молочної породи – лише 0,20. Відповідно, більша частота алеля А спостерігалася у тварин сумського внутрішньопородного типу української чорно-рябої молочної породи (0,80). Співвідношення часток алелів у тварин досліджуваних порід становило, відповідно, 1,8 та 4 рази.

Фактична частка гетерозигот була нижчою, ніж очікувана, у тварин сумського внутрішньопородного типу української чорно-рябої молочної породи. Навпаки, фактична гетерозиготність була вищою від очікуваної у корів української бурої молочної породи.

Результати аналізу племінних даних плідників, від яких походять тварини в піддослідних господарствах, вказують на те, що незначна їх частка оцінена за генотипом капа-казеїну. З оцінених плідників лише 44 % плідників голштинської породи мали генотип ВВ, тоді як швіцької – 67 %.

За результатами досліджень вважаємо, що формування стад з генотипом ВВ можливе у популяціях обох досліджених порід. У подальшому виключно на замовлення переробних підприємств можна досить швидко створити племінні стада із заданими генетичними параметрами. З цією метою необхідно використовувати плідників, які мають генотип ВВ за геном капа-казеїну.

Ключові слова: порода, надій, вміст жиру, вміст білка, капа-казеїн, генотип, алель.

Постановка проблеми та аналіз останніх досліджень. Сучасні методи селекції спрямовані на формування у тварин стада бажаного рівня молочної продуктивності, що поєднується з високим вмістом складових молока, виразності виробничого напрямку породи та високого метаболічного статусу організму. Це потребує впровадження нових науково обґрунтованих генетичних методів оцінки та відбору тварин, оскільки підвищення генетичного потенціалу великої рогатої худоби значною мірою визначається наявністю інформації про генетичну природу продуктивних ознак [1, 7]. Тому сучасні генетичні дослідження спрямовані, зокрема, на виявлення асоціації поліморфізму алельних варіантів генів білків молока [8, 10].

До таких генетичних маркерів належить ген капа-казеїну (CSN3), який відповідає за технологічні властивості молока [2, 6] та впливає на вміст білка в молоці [16, 20]. З тринадцяти відомих алелів цього гена найпоширенішими є алелі А та В [17].

Дослідженнями багатьох науковців встановлена суттєва різниця в частотах генотипів гена капа-казеїну у тварин різних порід [4, 5, 15]. Частота капа-казеїнових генотипів у корів голштинської породи становила, відповідно, 56,8 % АА, 39,8 % АВ та 3,4 % ВВ [18], у сментальської породи – 35,8 % АА, 51,6 % АВ та 14,6 % [14], породи Busha (автохтонна порода великої рогатої худоби в Чорногорії) – 44,4 % АА, 55,6 % АВ [13], у швіцької породи – 38,6 % АА, 44,3 % АВ і 17,1 % ВВ, у словацької рябої породи – 9,1 % АА, 13,6 % АВ і 77,3 % ВВ, істрійської худоби – 18,5 % АА, 66,7 % АВ і 17,8 % ВВ [9].

Бура худоба розводиться в Сумській області України вже понад сто років. Лебединська порода була створена методом схрещування корів місцевого походження (переважно великої рогатої худоби української сірої породи) з бугаями швіцької породи з подальшим розведенням «у собі» [19].

Українська бура молочна порода створена шляхом схрещування корів лебединської породи з плідниками швіцької породи американської селекції. У результаті тривалої селекційної роботи виведено українську чорно-рябу молочну породу, що включає п'ять міжпородних типів. Розвиток сумського внутрішньопородного типу української чорно-рябої молочної породи супроводжувався використанням бугаїв української чорно-рябої молочної та голштинської порід на основі лебединської породи [11].

Результати досліджень, що були проведені в 90-х роках минулого століття українськими вченими, доводять, що тварини лебединської

породи мають частоту генотипу ВВ за геном капа-казеїну на рівні 20 % [3]. Потребують подальших досліджень результати впливу селекційної трансформації лебединської породи на генотипи нової породи та типи за геном капа-казеїну. У результаті запланованих досліджень планується встановити особливості генетичної структури популяцій та провести корегування подальшої селекції в напрямі покращення білковомолочності та сиропридатності молока корів з урахуванням бажаних алелів.

Мета досліджень – дослідження особливостей поліморфізму гена капа-казеїну в селекційних формуваннях, створених на основі лебединської породи.

Матеріал і методи досліджень. Проведено генотипування корів великої рогатої худоби української бурої молочної породи (n=30) та сумського внутрішньопородного типу української чорно-рябої молочної породи (n=30), що належать племінному заводу Державного підприємства «Дослідне господарство Інституту сільського господарства Північного Сходу НААН». Визначення поліморфізму гена капа-казеїну проводили в генетичній лабораторії Інституту фізіології ім. Богомольця НАН за допомогою молекулярно-біологічного аналізу розпізнавання алелів методом полімеразної ланцюгової реакції (ПЛР) у реальному часі.

Зразки крові відбирали у моновети об'ємом 2,7 мл («Sarstedt», Німеччина) з наступним заморожуванням та зберіганням при -20 °С. ДНК для генотипування отримували із зразків за допомогою набору для очищення геномної ДНК Monarch® New England BioLab (США), згідно з протоколом виробника.

Для проведення алельної дискримінації використовувався TaqMan® Custom. В аналізах TaqMan® SNP Genotyping Assays використовуються 5'-нуклеазна хімія TaqMan® для ампліфікації та виявлення специфічних поліморфізмів у очищених зразках геномної ДНК. Усі аналізи розроблено з використанням надійного біоінформаційного процесу проектування аналізів Life Technologies, який спирається на конвеєр із використанням евристичних правил, отриманих як з даних виробництва, так і з даних про результати аналізу. У цих аналізах використовуються зонди зв'язування малої канавки (MGB) TaqMan® для дискримінації алелів, покращеного співвідношення сигнал/шум і гнучкості конструкції. ПЛР у режимі реального часу TaqMan. Два праймери було розроблено для ампліфікації продукту 101 bp, що включає SNP rs43703011 (геномна ДНК: X14711 (<http://www.ncbi.nih.gov>); праймий праймер, 5'-AAG CAG TAG AGA GCA CTG TAG CTA -3'; зво-

ротний праймер, 5'-TGA TCT CAG GTG GGC TCT CAA TAA -3'). Два флуорогенні зонди TaqMan було розроблено з різними репортерами флуоресцентних барвників, щоб забезпечити можливість генотипування в одній пробірці. Перший зонд був націлений на алель А дикої типу (5'-VIC-CTTCTGGAGAAGCTTCTA-3'), а другий – на мутований алель В (5'-FAM-CTTCTGGAGAATCTTCTA-FAM-3') гена CSN3. Гасник NFQ був підключений до 3'-кінця обох зондів. Праймери та зонди були розроблені за допомогою програмного забезпечення Primer Express версії 3.0 (Applied Biosystems, CA, США). Точність використаного джерела послідовності було перевірено шляхом порівняння з послідовностями з бази даних GenBank за допомогою BLAST (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/>).

ПЛР у реальному часі проводили в 20 мкл реакцій з 10 мкл TaqMan універсальної основної суміші для ПЛР, що містила AmpliTaq Gold DNA Polymerase (Applied Biosystems, CA, США), 200 нМ концентрації прямого та зворотного праймерів, 100 нМ кожного зонда та 2 мкл (50–100 нг) зразка ДНК. Реакцію ПЛР отримували за допомогою системи FAST 7500 Real Time PCR (Applied Biosystems). Профіль часу та температури ПЛР-реакції складався з наступних етапів: 2 хвилини при 50 °C для активації UNG, 10 хвилин при 95 °C для початку активності AmpliTaq Gold, 40 циклів при 95 °C протягом 15 секунд і 60 °C протягом 1 хв. Як негативний контроль використовували зразок без шаблону.

Експеримент алельної дискримінації складався з трьох етапів: попереднього зчитування, ампліфікації та після зчитування. Кожен зразок візуально перевіряли шляхом аналізу створених кривих ПЛР. Аналіз продуктів ампліфікації проводили за допомогою програмного забезпечення SDS версії 4.2.

Підрахунок частот алелів проводили із врахуванням кількості гомозигот і гетерозигот, виявлених за відповідним алелем за формулою:

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

де: N_1 і N_2 – відповідно, число гомозигот і гетерозигот для досліджуваного алеля;

n – число вибірки.

З метою оцінки статистичної достовірності розбіжності розподілів одержаних результатів використовували критерій Пірсона:

$$\chi^2 = \frac{\sum(\Phi - T)^2}{T},$$

де: Φ – фактична кількість генотипів;

T – теоретична кількість генотипів.

Фактичну (наявну) гетерозиготність визначали шляхом прямого підрахунку за формулою:

$$H_o = \frac{N_2}{n}.$$

Очікувану гетерозиготність визначали за формулою:

$$H_E = 1 - \sum_{i=1}^n p_i^2,$$

де p_1, p_2, \dots, p_n – частоти алелів.

Для генетичної характеристики поголів'я також визначали рівень гомозиготності (C_a):

$$C_a = (p(A)^2 + p(B)^2) * 100;$$

рівень поліморфності, N_a :

$$N_a = 1/C_a.$$

Тест гетерозиготності визначали шляхом співставлення відношень між емпіричними гетерозиготами і емпіричними гомозиготами з аналогічним відношенням, отриманим за теоретичними даними.

Коефіцієнт ексцесу (D) кількісно оцінює нестачу або перебільшення фактичної гетерозиготності у досліджуваних популяцій, порівняно з теоретично розрахованим показником.

Отримані результати обробляли методами математичної статистики засобами пакету «Statistica-6.1» у середовищі Windows на ПЕОМ.

Результати дослідження та обговорення.

Нами проведені дослідження з визначення генотипу тварин досліджуваних порід за геном капа-казеїну. На рисунках наведені ампліфікаційні криві та алельна дискримінація за поліморфізмом генотипу гена CSN3 (рис. 1 та 2).

Визначення частоти алельних варіантів капа-казеїну у корів вітчизняних порід показало, що найвища частота генотипів ВВ та АВ характерна для української бурої молочної породи (40 % та 48 %, відповідно) (табл. 1).

Найбільша частота генотипу АА спостерігається у корів сумського внутрішньопородного типу української чорно-рябої молочної породи (68 %). Відповідно, алель В найчастіше спостерігався у великої рогатої худоби української бурої молочної породи (0,64), а алель А – сумського внутрішньопородного типу української чорно-рябої молочної породи (0,80). У тварин української бурої молочної породи частота алеля В була вища в 1,8 раза, ніж алеля А. У тварин сумського внутрішньопородного типу української чорно-рябої молочної породи частота алеля А в 4 рази вища від алелю В. Встановлено, що частоти алелів у тварин обох досліджуваних порід є статистично значущими (критерій достовірності t_A і $t_B > 3$).

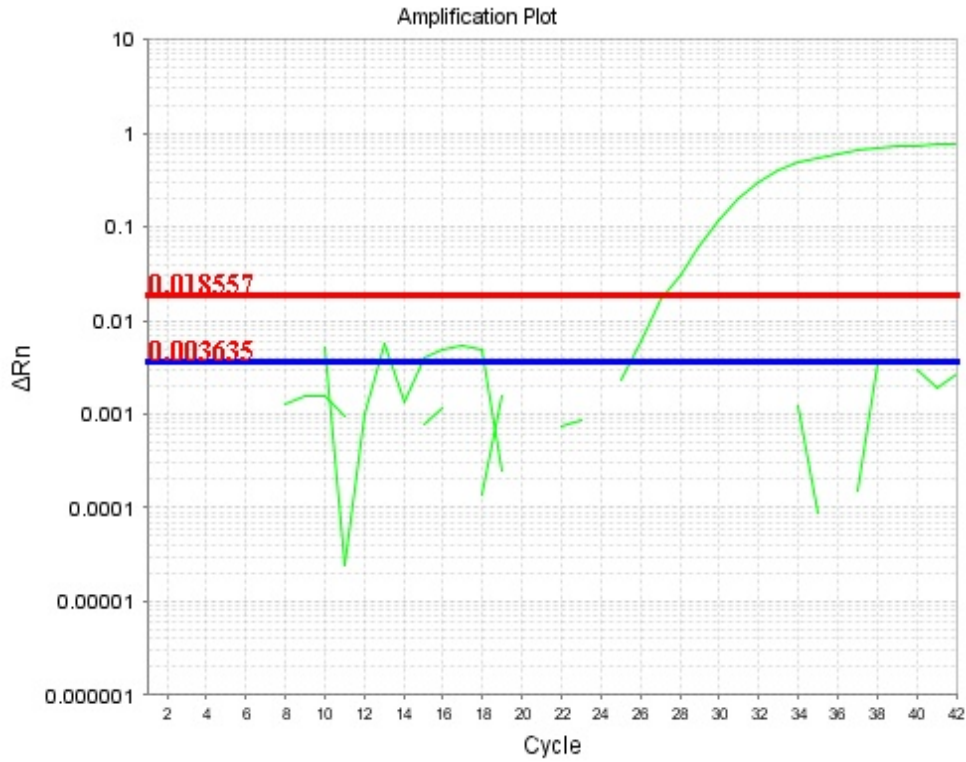


Рис. 1. Криві ампліфікації визначення генотипу за поліморфізмом гена CSN3.

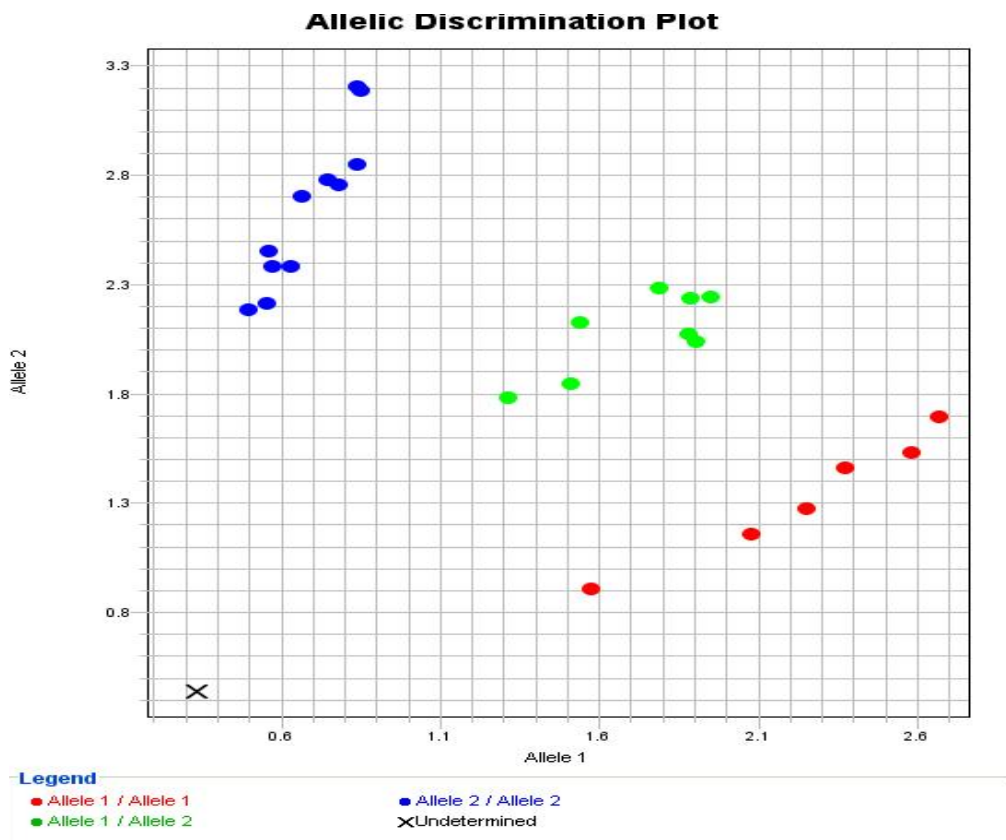


Рис. 2. Аельна дискримінація за поліморфізмом генотипу гена CSN3.

Таблиця 1 – Частота алелів та генотипів за локусом гена капа-казеїну

Порода/тип	Частота генотипу, %			Частота алелів		χ^2
	генотип	фактична	очікувана	фактична	очікувана	
Українська бура молочна	AA	12	13	A	0,36±0,07	0,04
Сумський внутрішньо-породний тип української чорно-рябої молочної породи		68	64		0,80±0,06	1,56
Українська бура молочна	AB	48	46	-	-	-
Сумський внутрішньо-породний тип української чорно-рябої молочної породи		24	32			
Українська бура молочна	BB	40**	41	B	0,64±0,07	-
Сумський внутрішньо-породний тип української чорно-рябої молочної породи		8	4		0,20±0,06	

P – рівень значущості за критерієм Фішера: ** – P < 0,01.

Слід зазначити, що у досліджуваній популяції сумського внутрішньопородного типу української чорно-рябої молочної породи частка гетерозигот була нижчою, ніж очікувана. У великої рогатої худоби української бурої молочної породи, навпаки, фактична частка гетерозигот була вищою за очікувану (табл. 2).

Ступені гомозиготності в досліджуваних порід та типів великої рогатої худоби істотно різняться. У тварин української бурої молочної породи він дорівнює 54, тоді як у тварин сумського внутрішньопородного типу української чорно-рябої молочної породи сягає 68, що свідчить про вищий рівень консолідації останніх. За рівнем поліморфності (число ефективно діючих алелів – Na), навпаки, переважають тварини української бурої молочної породи. Значення тесту гетерозиготності (TГ)

було додатним у тварин української бурої молочної породи та від'ємним – у чорно-рябих ровесниць. Від'ємне значення цього показника свідчить про нестачу гетерозиготних генотипів. Значення коефіцієнту ексцесу підтверджує нестачу гетерозиготних генотипів у сумському внутрішньопородному типі української чорно-рябої молочної породи (табл. 3).

Проаналізувавши походження маточного поголів'я досліджуваних популяцій, нами встановлено, що серед бугаїв, які використовувалися, не всі були оцінені за генотипом гена капа-казеїну. Так, частка оцінених плідників голштинської породи становила 35 %. З них лише 44 % мали генотип BB, а 11 % – генотип AA. У бугаїв швіцької породи лише 23 % було оцінено за цим генотипом. Бажаний генотип BB мали 67 %.

Таблиця 2 – Значення основних показників мінливості для гена капа-казеїну

Порода/тип	Ho	He	Fis
Українська бура молочна	0,480	0,461	-0,042
Сумський внутрішньопородний тип української чорно-рябої молочної породи	0,240	0,320	0,250

Таблиця 3 – Генетична мінливість досліджуваних порід за локусом капа-казеїну

Порода/тип	Ca	Na	% гомозигот	Тест гетерозиготності	D
Українська бура молочна	54	1,85	52	0,068	0,041
Сумський внутрішньопородний тип української чорно-рябої молочної породи	68	1,47	76	-0,155	-0,250

Результати наших досліджень доводять, що перетворення масиву лебединської породи за використання плідників голштинської та швіцької порід вплинуло на формування у тварин генотипу за геном капа-казеїну. Тварини сумського внутрішньопородного типу української чорно-рябої молочної породи, при розведенні яких використовуються плідники голштинської породи, мали частоту бажаного генотипу ВВ на рівні 8 %, що майже вдвічі вище від раніше отриманих результатів [18]. У корів української бурої молочної породи частка цього генотипу – 40 %, що удвічі вище від раніше отриманих результатів порівняно із швіцькою породою [9]. На нашу думку, це пов'язано з материнською породою (лебединська), частота генотипу ВВ у якої була порівняно високою – 20 % [3].

Серед досліджуваних популяцій зазначений генотип можна отримати лише в результаті реалізації спеціальних селекційних програм, де першочерговим завданням буде використання бугаїв генотипу ВВ, що збігається з думкою інших дослідників [12].

Висновки. Результатом проведеної роботи стало визначення частоти алелів та генотипів за локусами капа-казеїну. Встановлено, що породи великої рогатої худоби молочною напрямом, які походять від однієї місцевої лебединської породи, суттєво різнилися за досліджуваною ознакою.

На цьому етапі розведення формування стад (мікропопуляцій) з генотипом ВВ можливе в популяціях обох досліджуваних порід. У подальшому можна досить швидко створити племінні стада за заданими генетичними параметрами, зокрема, на замовлення переробних підприємств (ринку).

REFERENCES

- Mitiohlo, I. (2021). Polimorfizm hena beta-laktoglobulinu (BLG) u koriv molochnykh porid ukrainiskoi i zarubizhnoi selektsii [Polymorphism of the beta-lactoglobulin (BLG) gene in dairy cows of Ukrainian and foreign breeding]. *Biologiya tvaryn* [Biology of animals], no. 23 (4), pp. 27–31. (In Ukrainian).
- Mitiohlo, I., Dzitsiuk, V., Mokhnachova, N., Dobrianska, M. (2021). Henetychna struktura koriv ukrainiskoi chervono-riaboi molochnoi porody za kompleksom henotypiv GH, CSN3 ta BLG [Genetic structure of cows of the Ukrainian red-spotted dairy breed according to the complex of GH, CSN3 and BLG genotypes]. *Visnyk ahrarnoi nauky* [Herald of Agrarian Science], no. 4 (817), pp. 51–58. (In Ukrainian).
- Chumel, R. I. (2005). Henetychna struktura deiakykh porid velykoi rohatoi khudoby pivnichno-skhidnoho rehionu Ukrainy za henetyko-biokhimichnyimi systemami [Genetic structure of some

breeds of cattle of the northeastern region of Ukraine according to genetic and biochemical systems]. *Visnyk SNAU* [Bulletin of SNAU], no. 9–10 (9–10), pp. 208–212. (In Ukrainian).

- Adamov, N., Atanasov, B., Plievaska, K., Nikolovski, M., Dovenska, M., Petkov, V., Dovenski, T. (2020). Allele and Genotype Frequencies of the Kappa-Casein (CSN3) Locus in Macedonian Holstein-Friesian Cattle. *Macedonian Veterinary Review*, no. 43 (1), pp. 45–54.

- Akter, S., Mostafa Anower, A. K. M., Kamal Hossain, M. M. (2020). Genotyping of kappa-casein and beta-lactoglobulin genes in native cattle from Barishal region of Bangladesh. *Animal Biotechnology*. no. 31 (6).

- Dell'Eva, G., Bolognini, D., Iacono, E. Merlo, B. (2020). Embryo Transfer for Dissemination of kappa-casein BB Genotype and Improvement of Milk Clotting Properties. *International Journal of Dairy Science*, no. 15 (4), pp. 182–188.

- Gabche, A., Epse Laisin, E., Adedibu, I. I., Kabir, M., Iyiola-Tunji, A.O. (2021). Polymorphism of beta-Lactoglobulin Gene and their Effects on Milk Traits in Friesian X Bunaji Cattle. *World Journal of Innovative Research*, no. 11 (1), pp. 104–113.

- Gubarenko, N. (2021). Evaluation of cows' milk productivity by using genetic markers. *Theoretical and Applied Veterinary Medicine*. no. 8 (2), pp. 163–170.

- Ivanković, A. Ramljak, J., Dokso, A., Kelava, N., Konjačić, M., Paprika, S. (2011). Genetic polymorphism of beta-lactoglobulin and kappa-casein of cattle breeds in Croatia. *Mljekarstvo*. no. 61 (4), pp. 301–308.

- Kolenda, M., Sitkowska, B. (2021). The Polymorphism in Various Milk Protein Genes in Polish Holstein-Friesian Dairy Cattle. *Animals*. no. 11 (2), pp. 2–8.

- Ladyka, V., Skliarenko, Y., Pavlenko, Y., Metlytska, O., Ivankova, I. (2019). Molecular-Genetic Analysis of Cows Genetic Structure and Determination of Genealogical Relatedness Level of Bulls of Modern Dairy Breeds. *Advances in Animal and Veterinary Sciences*. no. 7 (5), pp. 405–411.

- Lavon, Y., Weller, J.I., Zeron, Y., Ezra, E. (2024). Estimating the Effect of the Kappa Casein Genotype on Milk Coagulation Properties in Israeli Holstein Cows. *Animals*. no. 14 (1), 54 p.

- Maletić, M., Aleksijć, N., Vojnović, B., Nikšić, D., Kulić, M., Đukić, B., Ćirković, D. (2016). Polymorphism of kappa-casein and beta-lactoglobulin genes. *Mljekarstvo*. no. 66 (3), pp. 198–205.

- Nikšić, D., Pantelić, V., Ostojić-andrić, D., Perišić, P., Petričević, V., Lazarević, M., Petričević, M. (2018). Polymorphism of kappa-casein and beta-lactoglobulin in simmental cattle in Serbia. *Genetika*. no. 50 (2), pp. 659–668.

- Olanrewaju, B.M., Oghate, E.B., Adetunb, A.J., Olawale, O., Chineke, A. C. (2020). Association of kappa-casein genotype and the linear parameter in two indigenous bos indicus and bos taurus cattle in Nigeria. *Open Journals of Agricultural Science*, no. 1 (1). pp. 12–22.

16. Pandey, A., Thakur, M. S., Gonge, D. S., Pandey, Y. (2023). Characteristics of kappa-casein (k) genetic Variants and its association with lactation length (LL), milk fat and milk protein traits in Sahiwal and HF cross bred of cow in MP, India. *The Pharma Innovation Journal*, no. 12 (7), pp. 103–106.

17. Pazzola, M. (2020). Exploring the Genotype at CSN3 Gene, Milk Composition, Coagulation and Cheese-Yield Traits of the Sardo-Modicana, an Autochthonous Cattle Breed from the Sardinia Region, Italy. *Animals*. no. 10 (11).

18. Pilonetto, F. Coelho Ladeira, G., Salvian, M.; Zampar, A., Cucco, D. de C. (2020). The genotypic profile of milk proteins in Holstein cows raised in South of Brazil. *Research, Society and Development*. no. 11 (9), e2911931530.

19. Sklyarenko, Y., Metlitska, O., Ladyka, V., Ivankova, I. (2018). Lebedyn cattle breed genetic pool genesis and new types and breeds developed on its base. *Bulgarian Journal of Agricultural Science*, no. 24 (6), pp. 1114–1122.

20. Yaser, M. L., Hamad, R. (2019). Effect of mutation site of k-casein gene on protein quantity, composition, and other milk constituents in Holstein cows. *J. Pharm. Sci.*, no. 11 (2), pp. 398–401.

The study of capa-casein gene polymorphism in cattle populations created on the maternal basis of the Lebedyn breed.

Ladyka V., Malikova A., Skliarenko Y., Pavlenko Y.

Scientific studies were conducted in breeding herds of the Ukrainian Brown dairy breed and the Sumy inbred type of the Ukrainian Black-and-White dairy breed to investigate the peculiarities of capa-casein gene polymorphism. What these breeds have in common is their descent from the same autochthonous breed, the Lebedyn breed. The process of creating these breeds was distinguished by the use of sires of different breeds, namely Swiss and Holstein. Genotyping of 60 cows (30 of each breed) was carried out. The polymorphism of the capa-casein gene was determined in the

genetic laboratory of the Bogomolets Institute of Physiology of the National Academy of Sciences of Ukraine using molecular biological analysis of allele recognition by real-time polymerase chain reaction (PCR).

It was found that Ukrainian brown dairy cows were distinguished by a higher frequency of the desired homozygous BB genotype, it was 40%. A higher frequency of homozygous genotype AA was characterised by cows of Sumy inbred type of Ukrainian Black-and-White dairy breed (68 %). The proportion of heterozygous genotype AB was higher in cows of the Ukrainian Brown dairy breed (48 %). The frequency of the B allele in animals of the Ukrainian Brown dairy breed was 0.64, while in cows of the Sumy inbred type of the Ukrainian Black-and-White dairy breed it was only 0.20. Correspondingly, a higher frequency of allele A was observed in animals of the Sumy inbred type of the Ukrainian Black-and-White dairy breed (0.80). The ratio of allele frequencies in the animals of the studied breeds was, respectively, 1.8 times and 4 times.

The actual proportion of heterozygotes was lower than expected in animals of the Sumy inbred type of the Ukrainian Black-and-White dairy breed. On the contrary, the actual heterozygosity was higher than expected in cows of the Ukrainian Brown dairy breed.

The results of the analysis of the breeding data of the sires from which the animals in the experimental farms originated indicate that a small proportion of them were evaluated for the capa-casein genotype. Of the sires evaluated, only 44% of Holstein sires had the BB genotype, while 67% of Swiss sires had the BB genotype.

Considering the results of the research, we believe that the formation of herds with the BB genotype is possible in the populations of both studied breeds. In the future, it will be possible to create quickly enough breeding herds with specified genetic parameters at the request of processing enterprises. For this purpose, it is necessary to use sires that have the BB genotype for the capa-casein gene.

Key words: breed, milk yield, fat content, protein content, capa-casein, genotype, allele.



Copyright: Ладика В.І. та ін. © This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License, which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original author and source are credited.



ORCID iD:

Ладика В.І.

Малікова А.І.

Скляренко Ю.І.

Павленко Ю.М.

<https://orcid.org/0000-0001-6748-7616>

<https://orcid.org/0000-0002-4277-0172>

<https://orcid.org/0000-0002-6579-2382>

<https://orcid.org/0000-0002-4128-122X>