

Алельний поліморфізм генетичної структури бурої карпатської породи великої рогатої худоби

Н.Б. Мохначова, О.М. Жукорський

Інститут розведення і генетики тварин імені М.В. Зубця НААН, Київська обл., Бориспільський р-н с. Чубинське; e-mail: nataliia.mokhnachova82@gmail.com; e-mail: o_zhukorskiy@ukr.net

Проаналізовано генетичні маркери, які асоційовані з молочною та м'ясною продуктивністю корів. За допомогою методу полімеразної ланцюгової реакції (ПЛР) з наступним аналізом рестрикційних фрагментів визначали поліморфізми генів к-казеїну (CSN3), β-лактоглобуліну (BLG), діацилгліцерол-О-ацилтрансферази 1 (DGAT1), гіпофізарного фактора транскрипції (PIT1), тиреоглобуліну (TG5) та гормону росту (GH) у тварин бурої карпатської породи. Проведено генетичне дослідження 30 корів, яких утримували у приватному секторі Закарпатської області. Встановлено розподіл частот алелів та генотипів досліджуваних генів. У вивченій вибірці тварин найчастіше зустрічалися алель А і генотип АА гена CSN3 (0,64 та 0,43 відповідно), алель В і генотип АВ гена BLG (0,58 та 0,43 відповідно), алель В і генотип ВВ гена PIT1 (0,82 та 0,68 відповідно), алель К і генотип КА гена DGAT1 (0,58 та 0,84 відповідно), алель L і генотип LL гена GH (0,64 та 0,5 відповідно), алель Т і генотип ТТ гена TG5 (0,66 та 0,61 відповідно). Виявлено високу гомозиготність за вивченими локусами – значення показника варіювало від 17 % у DGAT1 до 90 % у TG5. Це свідчить про те, що число ефективно діючих алелів у корів менше від можливого, внаслідок чого знижується генетичне різноманіття.

Ключові слова: ДНК; гени; алель; поліморфізм; полімеразна ланцюгова реакція; маркери; корови бурої карпатської породи.

ВСТУП

Встановлений для великої рогатої худоби спектр генів-кандидатів на зв'язок з ознаками молочної та м'ясної продуктивності включає гени основних білків молока (лактальбумінів і казеїнів), гени гормонів, що стимулюють їх експресію, а також гени, продукти яких регулюють обмін протеїнів і ліпідів в організмі [1, 2]. Серед них особливе місце займають гени к-казеїну (CSN3), β-лактоглобуліну (BLG), діацилгліцерол-О-ацилтрансферази 1 (DGAT1), гіпофізарного фактора транскрипції (PIT1), тиреоглобуліну (TG5) та гормону росту (GH).

Ген CSN3 у представників виду *Bos taurus* L. знаходиться на 6-й хромосомі. З 10 описаних алелів цього гена найчастіше зустрічаються варіанти А і В, які відрізняються 2 амінокислотними замінами у 136-му

Thr(A)/Ile(B) та 148-му Asp(A)/Ala(B) положеннях поліпептидного ланцюга. Встановлено асоціацію В-алеля гена CSN3 з вищим вмістом білка в молоці та виходом сиру, а також з кращими коагуляційними властивостями молока у ВРХ [3, 4].

β-Лактоглобулін – це дуже цінний компонент молока, потрібний для росту молодняка, тому є головним білком молочної сироватки. Його ген достатньо великий і складається з 7 екзонів, що охоплюють близько 4000 п. н. Довжина ланцюга білка BLG становить 178 амінокислот. Ген BLG відповідає за білковомолочність та біологічну цінність молока. Алель В пов'язаний із високим вмістом у молоці казеїнових білків та високим відсотком жиру, а алель А характеризується високим вмістом сироваткових білків [5].

Мікросомальний фермент *DGAT1* каталізує реакції у кінцевих шляхах синтезу тригліцеридів у ссавців. Дослідження на мишах показали, що відсутність білка *DGAT1* викликає облісіння і порушення розвитку молочної залози [6]. Ген *DGAT1* великої рогатої худоби картовано у центромірній ділянці 14-ї хромосоми. В 2002 р. була ідентифікована казуальна мутація, причиною якої була динуклеотидна заміна GC–AA в позиціях 10433 і 10434, що призводить до заміни амінокислоти аланін (алель А) на амінокислоту лізин (алель К) у положенні 232 білка ацил-КоА: діацилгліцерин-О- ацилтрансфераза (K232A поліморфізм). Алель К асоційований із відсотковим вмістом молочного жиру, а алель А – з високими надоями [7].

PIT-1 займає особливе місце в детермінації молочної продуктивності і може розглядатися як третій, найвищий ступінь у регуляції цього процесу експресії їх генів [8]. Його алельні варіанти можуть впливати на молочну продуктивність [9], мутації в гені фактора *PIT-1* призводять до гіпоплазії гіпофіза, синдрому вродженого гіпотиреозу у мишей, а також до відсутності соматотропіну [10]. Поліморфізм *PIT-1* може бути інформативним маркером молочної та м'ясної продуктивності. Так, А-алель пов'язаний з перевагою за удоєм та кращою якістю молока [11].

TG5 – глікопротеїн, попередник тироїдних гормонів трийодтироніну (Т3) та тетрайодтироніну (Т4). Ген гормону *TG5* раніше розглядався як функціональний і позиційний ген-кандидат мармуровості м'яса корів [12]. На основі досліджень, проведених на молочних породах великої рогатої худоби, а також через вплив його на жировий метаболізм вважають, що ген гормону *TG5* пов'язаний із молочною продуктивністю та якісним складом молока. Найбільш бажаним для ведення селекції на основі молекулярно-генетичного аналізу є генотип ТТ [13].

GH – найважливіший регулятор соматичного росту тварин, що має лактогенну та

жиромобілізує дію. У великої рогатої худоби ген гормону росту локалізований на 19-й хромосомі і складається з 5 екзонів та 4 інтронів. *Alu*-рестрикційний поліморфізм у 5-му екзоні гена пов'язаний з трансверсією С-Г, що призводить до заміни в білковому продукті гена амінокислоти лейцин амінокислотою валін (*Leu* на *Val*, 127-ма позиція). Встановлений зв'язок різних поліморфних варіантів гена *GH* з такими корисними ознаками, як ріст і розвиток, молочна продуктивність (надій, вміст жиру та білка в молоці) [14, 15].

Бура карпатська порода великої рогатої худоби є надзвичайно важливою для сільського господарства в Карпатському регіоні завдяки своїм унікальним характеристикам: високою адаптованістю до складних гірських умов, стійкістю до захворювань, її молоко має високу харчову цінність, м'ясо – добру якість [16].

Метою нашого дослідження було вивчення поліморфізму генів *CSN3*, *BLG*, *DGAT1*, *PIT1*, *TG5* та *GH* у корів бурої карпатської породи.

МЕТОДИКА

Проведено генетичне дослідження 30 корів бурої карпатської породи, яких утримували у приватному секторі Закарпатської області. Дослідження проводили відповідно до положень національних та міжнародних стандартів здійснення наукових досліджень з використанням тварин: Закону України «Про захист тварин від жорстокого поводження», Європейської Конвенції про захист хребетних тварин (Страсбург, 1986). Комісія з питань поводження з тваринами у наукових дослідженнях ІРГТ ім. М.В. Зубця НААН порушень моральних і правових норм під час дослідження не виявила (протокол №5 від 16.05.2025 р.).

Молекулярно-генетичні дослідження проводили у відділі генетики та біотехнології Інституту розведення і генетики імені М.В.

Зубця НААН на зразках ДНК, які отримані з крові корів бурої карпатської породи.

Виділення ДНК здійснювали із 150 мкл цільної крові з використанням іонообмінної смоли «Chellex» (США) згідно з інструкцією виробника. Концентрацію ДНК в отриманому препараті визначали в агарозному гелі, порівнянням яскравості смужок фрагментів, які аналізували і стандартного препарату ДНК (фрагменти фага λ). Всі проби доводили

до робочої концентрації 20 нг/мкл.

Фрагменти досліджуваних генів ампліфікували методом полімеразної ланцюгової реакції (ПЛР) із використанням набору реактивів «Fermentas» (Литва) і праймерів, які створені на основі послідовностей генів великої рогатої худоби. Нуклеотидні послідовності праймерів для ампліфікації та назви рестриктаз для рестрикції продуктів ампліфікації були такими:

Ген	Послідовність праймера 5'-3'	Рестриктаза
<i>CSN3</i>	F: 5'-GAAATCCCTACCATCAATACC-3' R: 5'-CCATCTACCTAGTTTAGATG-3'	<i>HinfI</i>
<i>βLG</i>	F: 5'-TGTGCTGGACACCGACTACAAAAAG-3' R: 5'-GCTCCCGGTATATGACCACCCTCT-3'	<i>Hae III</i>
<i>DGAT1</i>	F: 5'-GCACCATCCTCTTCCTCAAG -3' R: 5'-GGAAGCGCTTTCGGATG-3'	<i>CfrI</i>
<i>PIT1</i>	F: 5'-AAACCATCATCTCCCTTCTT-3'; R: 5'-AATGTACAATGTGCCTTCTGAG-3'	<i>HinfI</i>
<i>TG5</i>	F: 5'-GGGGATGACTACGAGTATGACTG-3' R: 5'-GTGAAAATCTTGTGGAGGCTGT-3'	<i>PsuI</i>
<i>GH</i>	F: 5'- GCTGCTCCTGAGGGCCCTTC-3 R: 5'- GCGGCGGCACTTCATGACCC-3'	<i>AluI</i>

ПЛР-суміш містила: 2 мкл буфера для ДНК полімерази, 1 мкл суміші дНТФ, по 0,9 мкл кожного праймера, 0,2 мкл ДНК-полімерази («Fermentas» Литва), 3,5 мкл води для ПЛР. Генотипу ДНК додавали у кількості 1,5 мкл. Загальний об'єм ДНК-суміші становив 10 мкл. Ампліфікацію сумарної ДНК з праймерами проводили в програмованому термоциклері Applied Biosystems (США). Умови ПЛР та схеми рестрикційного аналізу продуктів ампліфікації поліморфних ділянок досліджуваних генів представлено у табл. 1.

Для виявлення алельних варіантів досліджуваних генів використали рестрикційний аналіз продуктів ампліфікації (15 мкл), який проводили в стандартних умовах з використанням 5 од. кожної ендонуклеази (при 37°C – 12 год). Продукти рестрикції розділяли в 2%-му агарозному гелі з бромистим

етидієм (0,5 мкг/мл) в однократному ТВЕ-буфері при напрузі 100 В (тривалість фореми 1 год). Фіксували фрагменти ДНК проводили фотографуванням гелів цифровою камерою під короткохвильовим ультрафіолетовим випромінюванням на транслюмінаторі [17]. Як маркери молекулярних мас використовували ДНК GeneRuler Ultra Low Range та TM 50 bp DNA Ladder.

Частоту генотипів, алелів, гетерозиготність та інші біометричні показники розраховували відповідно до методики Peakall і співав. [18]. Статистичний аналіз проводили за допомогою програмного пакету Statistica 6.0 та Excel (Microsoft Office 2007) та в стандартному пакеті Microsoft Excel з використанням інтегрованої надбудови програми Statisti XL 2.0 (<http://www.statistixl.com/>).

РЕЗУЛЬТАТИ ТА ЇХ ОБГОВОРЕННЯ

Аналізом результатів генотипування встановлено, що поліморфізм досліджуваних генів представлений двома алелями з різною частотою (рисунок).

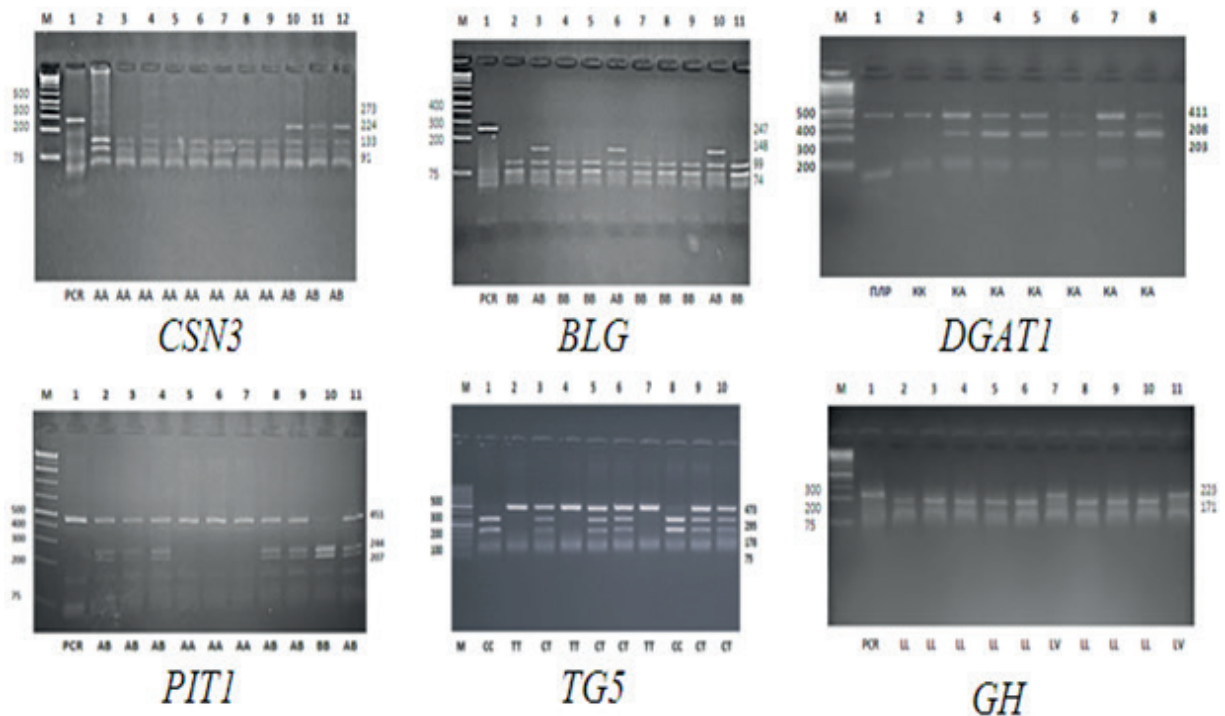
Характерною особливістю поліморфізму *CSN3*, представленого алелями А і В (табл.2), стала достатньо висока частота алеля А (0,64). Алель В у зустрічається з частотою 0,36, його пов'язують з більшим вмістом білка в молоці і виходом сиру. Аналіз поліморфізму за геном *BLG* показав, що більшість тварин були носіями генотипу АВ (0,43). Частота алелей А і В становила 0,42 і 0,58 відповідно. Дослідження гена *DGAT1*, що асоціюється з жирномолочністю, виявило лише два генотипи КК (0,16) та КА (0,84). Частота алеля К на 0,17 вища, ніж А (0,585 та 0,415 відповідно).

Наявність алелей А і В гена *PIT1* з частотою 0,18 і 0,82 у тварин бурої карпатської

породи знайшло відображення у високій частоті генотипу ВВ (0,68). За локусом *TG5* були виявлені 3 генотипи: *TT* (0,61), *CT* (0,12) та *CC* (0,27). Спостерігається двократне переважання алеля *T* (0,66) над *C*. Для поліморфізму гена *GH*, представленого двома алелями *V* і *L*, характерна достатньо низька (0,35) частота алеля *V*, але висока алеля *L* (0,65), що зумовило порівняно високу (0,5) частоту гомозиготного генотипу *LL*, низьку (0,23) – генотипу *VV*. Генотип *LL* асоційований з високими надоями корів, більшим вмістом жиру і білка в молоці.

Використання статистичних методів аналізу визначенням числових значень таких генетичних констант, як ступінь гомозиготності, рівень поліморфності, ступінь генетичної мінливості, дало оцінку генетичної структури бурої карпатської породи. Отримані значення залежать від умов утримання тварин і від досліджуваного гена.

Ступінь гомозиготності свідчить про



Електрофоретичний аналіз продуктів рестрикції при визначенні генотипів за генами позначеними під фото: М – маркер молекулярних мас; *CSN3* – κ-казеїн, *BLG* – β-лактоглобулін, *DGAT1* – діацилгліцерол-О-ацилтрансфераза 1, *PIT1* – гіпофізарний фактор транскрипції, *TG5* – тиреоглобулін, *GH* – гормон росту

Таблиця 1. Характеристика умов полімеразної ланцюгової реакції та поліморфізм довжин рестрикційних фрагментів продуктів ампліфікації

Поліморфізм	Умови ампліфікації	Ампліфікат	Генотипи та відповідні довжини рестрикційних фрагментів
<i>CSN3- HinfI</i>	95°C-4 хв; (95°C- 15с; 58°C- 15с; 72°C- 60с)х35; 72° -10 хв	273 п.н.	<i>CSN3- HinfI</i> ^{BB} :224+49 <i>CSN3- HinfI</i> ^{AA} :133+91+49 <i>CSN3-HinfI</i> ^{AB} :224+133+91+49
<i>BLG- Hae III</i>	94°C-4 хв; (95°C- 15с; 61°C- 15с; 72°C- 60с)х35; 72° -10 хв	247 п.н.	<i>BLG- Hae III</i> ^{AA} :148+99 <i>BLG- Hae III</i> ^{BB} :99+74 <i>BLG- Hae III</i> ^{AB} :148+99+74
<i>DGAT1- CfrI</i>	94°C-4 хв; (95°C- 15с; 58°C- 15с; 72°C- 60с)х35; 72° -5 хв	411 п.н.	<i>DGAT1- CfrI</i> ^{KK} :411 <i>DGAT1- CfrI</i> ^{AA} :208+203 <i>DGAT1-CfrI</i> ^{KA} :411+208+203
<i>PIT1- HinfI</i>	95°C-4 хв; (95°C- 45с; 58°C- 30с; 72°C- 60с)х35; 72° -10 хв	451 п.н.	<i>Pit-1-HinfI</i> ^{AA} : 451 <i>Pit-1- HinfI</i> ^{BB} : 244+207 <i>Pit-1-HinfI</i> ^{AB} : 451+244+207
<i>GH- AluI</i>	94°C-4 хв; (95°C- 15с; 61°C- 15с; 72°C-60с)х35; 72° -5 хв	223 п.н.	<i>GH- AluI</i> ^{VV} :223 <i>GH- AluI</i> ^{LL} :171+52 <i>GH- AluI</i> ^{LV} :223+171+52
<i>TG5- PstI</i>	95°C-4 хв; (95°C-45с; 62°C- 30с; 72°C-60с)х35; 72° -10 хв	548 п.н.	TG5- PstI ^{TT} :473 TG5- PstI ^{CC} :75+178+295 TG5-PstI ^{CT} :75+178+295+473

консолідацію генів представлено в табл. 3. У бурої карпатської породи цей показник варіював від 17 % у *DGAT1* до 90 % у *TG5*. Збільшення ступеня гомозиготності спричиняє зниження генетичного і фенотипового різноманіття, що призводить до збільшення однорідності популяції.

Число ефективно діючих алелей у локусах *CSN3*, *BLG*, *PIT1*, *DGAT1*, *TG5*, *GH* характеризує кількість алелей, діючих за конкретним локусом:

Ген	Число ефективно діючих алелей
<i>CSN3</i>	1,67
<i>BLG</i>	1,75
<i>PIT1</i>	1,37
<i>DGAT1</i>	5,88
<i>TG5</i>	1,11
<i>GH</i>	1,37

Отримані значення ефективно діючих алелей у локусах, асоційованих з корисними ознаками у корів менші за граничну величину. Це свідчить про те, що число діючих алелей у популяції для цих локусів менше від можливого. Було виявлено, що зі збільшенням гомозиготності зменшується частка ефективних алелей, як наслідок – знижується генетичне різноманіття. Найбільш поліморфним (число ефективно діючих алелей – 5,88) виявився локус *DGAT1*, а найменше значення отримав – *TG5* (число ефективно діючих алелей – 1,11).

Встановлені нами значення поліморфізму генів, які впливають на молочні та м'ясні якості корів, узгоджуються з даними інших авторів. Проте у більшості з них отримані результати знаходяться у верхній границі діапазону досліджуваного показника [19, 20].

Таблиця 2. Популяційні особливості генетичної структури корів бурої карпатської породи (n = 30)

Ген	Частота генотипів		Частота алеля		Гетерозиготність		Критерій відповідності	Індекс фіксації Райта
					фактична	очікувана		
<i>CSN3</i>	AA	0,43	A	B				
	AAB	0,4			0,391	0,465	0,45	0,16
	BBB	0,17						
<i>BLG</i>	AA	0,19	A	B				
	AAB	0,43			0,440	0,484	0,13	0,091
	BBB	0,38						
<i>PIT1</i>	AA	0,05	A	B				
	AB	0,27			0,280	0,310	0,24	0,09
	BB	0,68						
<i>DGAT</i>	KK	0,16	K	A				
	KA	0,84			0,830	0,486	15,1	-0,710
	AA	-						
<i>GH</i>	LL	0,5	L	V				
	LV	0,27			0,280	0,461	4,90	0,390
	VV	0,23						
<i>TG5</i>	CC	0,27	C	T				
	CT	0,12			0,110	0,450	17,02	0,753
	TT	0,61						

ВИСНОВКИ

1. У результаті проведеного дослідження була встановлена алельна структура корів бурої карпатської породи за генами, які впливають на молочні та м'ясні якості корів: *CSN3*, *BLG*, *DGAT1*, *PIT1*, *TG5* та *GH*. Спостерігалось

переважання алеля *A CSN3* = 0,64; алеля *B BLG* = 0,58; алеля *B PIT1* = 0,82; алеля *K DGAT1* = 0,58; алеля *T TG5* = 0,66; алеля *L GH* = 0,65.

2. При розрахунку числа ефективних алелей найбільш поліморфним виявився локус *DGAT1*, а найменшим – *TG5*.

Таблиця 3. Гомозиготність за генами в досліджуваних тварин бурої карпатської породи

Ген	Генотип	Число гомозиготних генотипів	Ступінь гомозиготності, %
CSN3	AA	13	60
	BB	5	
BLG	AA	6	57
	BB	11	
PIT1	AA	2	73
	BB	20	
DGAT1	KK	5	17
	AA	0	
TG5	TT	18	90
	CC	9	
GH	LL	15	73
	VV	7	

Робота виконана в рамках дослідницької роботи за ПНД31. Генетичне поліпшення сільськогосподарських тварин, їх відтворення та збереження біорозмаїття (Генетика, збереження та відтворення біоресурсів у тваринництві) Інституту розведення і генетики тварин ім. М.В. Зубця НААН.

The authors of this study confirm that the research and publication of the results were not associated with any conflicts regarding commercial or financial relations, relations with organizations and/or individuals who may have been related to the study, and interrelations of co-authors of the article.

N.B. Mokhnachova, O.M. Zhukorskyi

ALLELIC POLYMORPHISM OF THE GENETIC STRUCTURE OF THE BROWN CARPATHIAN BREED OF CATTLE

Institute of Animal Breeding and Genetics nd. a. M.V. Zubets of National Academy of Agrarian Science of Ukraine, Chubynske village, Kyiv region; e-mail: nataliia.mokhnachova82@gmail.com

Genetic markers associated with milk and meat productivity in cows were analyzed. Using the polymerase chain reaction (PCR) method followed by restriction fragment analysis, polymorphisms in the genes for κ -casein (CSN3),

β -lactoglobulin (BLG), diacylglycerol O-acyltransferase 1 (DGAT1), pituitary transcription factor (PIT1), thyroglobulin (TG5), and growth hormone (GH) were determined in animals of the Brown Carpathian breed. The genetic study was conducted on 30 cows kept in the private sector of the Transcarpathian region. The distribution of allele frequencies and genotypes of the studied genes was determined. In the studied sample of animals, the most common alleles were A and genotype AA of the CSN3 gene (0.64 and 0.43, respectively), allele B and genotype AB of the BLG gene (0.58 and 0.43, respectively), allele B and genotype BB of the PIT1 gene (0.82 and 0.68, respectively), allele K and genotype KA of the DGAT1 gene (0.58 and 0.84, respectively), allele L and genotype LL of the GH gene (0.64 and 0.5, respectively), allele T and genotype TT of the TG5 gene (0.66 and 0.61, respectively). High levels of homozygosity were observed at the studied loci, ranged from 17% in DGAT1 to 90% in TG5. This indicates that the number of effectively functioning alleles in the studied population is lower than the possible maximum, resulting in reduced genetic diversity.

Key words: DNA; genes; allele; polymorphism; polymerase chain reaction; markers; Brown Carpathian breed.

REFERENCES

1. Gutierrez-Gil B, Arranz JJ and Wiener P. An interpretive review of selective sweep studies in *Bos taurus* cattle populations: identification of unique and shared selection signals across breeds. *Front Genet.* 2015; 6:167.
2. Aliloo H, Pryce J E, Gonzalez-Recio O, Cocks BG and Hayes BJ. Validation of markers with non-additive effects on milk yield and fertility in Holstein and Jersey cows. *BMC Genet.* 2015; 16: 89.
3. Bonfatti V, Cecchinato A, Di Martino G, De Marchi M,

- Gallo L, Carnier P. Effect of κ -casein B relative content in bulk milk κ -casein on Montasio, Asiago, and Caciotta cheese yield using milk of similar protein composition. *J Dairy Sci.* 2001; 94(2):602-13.
4. Marković M, Radonjić D, Đokić M, Kandić A, Marković B. Allelic polymorphism of κ -casein gene (CSN3) in three Montenegrin cattle breeds. *Agric For.* 2021; 67: 61-70.
5. Meza-Nieto MA, González-Córdova AF, Piloni-Martini J, Vallejo-Cordoba B. Effect of β -lactoglobulin A and B whey protein variants on cheese yield potential of a model milk system. *J Dairy Sci.* 2013; 96(11):6777-81.
6. Kaupé B, Winter A, Fries R, Erhardt G. DGAT1 polymorphism in *Bos indicus* and *Bos taurus* cattle breeds. *J Dairy Res.* 2004; 71(2):182-7.
7. Tabaran A, BaLteanu VA, GaL E, Pusta D, Mihaiu R, Dan SD, Tabaran AF, Mihaiu M. Influence of DGAT1 K232A polymorphism on milk fat percentage and fatty acid profiles in Romanian holstein cattle. *Anim Biotechnol.* 2015; 26(2):105-11.
8. Anderson B, Rosenfeld MG. Pit-1 determines cell types during development of the anterior pituitary gland. *J Biol Chem.* 1994; 269: 29335-29338.
9. Keiko Kusarmira de Mattos, Silvia Nassif Del Lama, Mario Luiz Martinez, Ary Ferreira Freitas. Association of bGH and Pit-1 gene variants with milk production traits in dairy Gyr bulls. *Pesq Agropec Bras.* 2004; 39(2): 147-50.
10. Li S, Crenshaw III EB, Rawson EJ. Dwarf locus mutants lacking three pituitary cell types result from mutations in the POU-domain gene Pit-1. *Nature.* 1990; 347:528-34.
11. Zwierzchowski L, Krzyzewski J, Strzalkowska N. Effects of polymorphism of growth hormone (GH), Pit-1, and leptin (LEP) genes, cow's age, lactation stage and somatic cell count on milk yield and composition of Polish Black-and-White cows. *Anim Sci Paper Report.* 2002; 20: 213-27.
12. Khatib H, Zaitoun I, Chang YM, Maltecca C and Boettche P. Evaluation of association between polymorphism within the thyroglobulin gene and milk production traits in dairy cattle. *J Anim Breed Genet.* 2007; 124:26-8.
13. Shin SC. and Chung ER. Association of SNP marker in the thyroglobulin gene with carcass and meat quality traits in Korean cattle. *Asian-Aust J Anim Sci.* 2007; 20(2):172-7.
14. Dybus A. Associations between Leu/Val polymorphism of growth hormone gene and milk production traits in Black-and-White cattle. *Arch Tierz.* 2002; 45(5):421-8.
15. Abeygunawardana DI, Ranasinghe RMSBK, De Silva SNT, Deshapriya RMC, Gamika PA, and Rajapakse J. Prevalence of growth hormone receptor gene polymorphisms and their association with milk production and fertility-related traits of cross-bred dairy cows in Sri Lanka. *Anim Biotechnol.* 2024; 35(1): 2307012.
16. Mokhnachova N B. Assessment of allelic and genotype diversity of cows of the endangered Brown Carpatian Breed by some productivity genes. *Ukr J Nat Sci.* 2013; 6:27-33. [Ukrainian].
17. Mokhnachova NB, Zhukorskyi OM. Polymorphism of the mannose-binding lectin gene (*MBL1*) in Ukrainian small and transboundary cattle breeds. *Cytol Genet.* 2024; 58:572–9. [Ukrainian].
18. Peakall R, Smouse PE. GenAlEx6.5:genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. *Bioinformatics.* 2012; 28:2537-9.
19. Guzeev YuV, Sydorenko OV, Vishnevskyi LV. Characterization of the genetic structure of brown Carpathian breeders by the kappa-casein (*CSN3*) gene. *Anim Breed Genet.* 2017; 54:216-21. [Ukrainian].
20. Kopylova KV. Genetic structure of bulls of different breeds of cattle according to loci of quantitative traits. *Visn Ahrarn Nauky.* 2012; 2:47-9. [Ukrainian].

Матеріал надійшов
до редакції 13.01.2025