



<https://doi.org/10.31279/2949-4796-2025-15-2-42-52>

EDN UGPXUC

УДК 636.2.034



UGPXUC

Поступила: 07.03.2025

Доработана: 26.05.2025

Принята: 02.06.2025

Генетическое разнообразие гена гормона роста и его связь с репродуктивной функцией у джерсейского скота

✉ С.А. Олейник, А.В. Лесняк

Ставропольский государственный аграрный университет, г. Ставрополь, Россия

✉ soliynik60@gmail.com

Аннотация

Введение. Эффективность воспроизводства критически важна для рентабельности разведения крупного рогатого скота. Ген гормона роста (*bGH*) является перспективным кандидатом для изучения связи с хозяйственно-полезными признаками.

Цель. Изучить генетическое разнообразие по полиморфизму C/G гена *bGH* и его связи с живой массой, возрастом и кратностью осеменения при первом плодотворном осеменении у коров джерсейской породы.

Материалы и методы. Исследование проведено на 361 корове джерсейской породы. Данные зоотехнического учета по репродуктивным признакам сопоставлены с результатами генотипирования по полиморфизму C/G гена *bGH* (ПЦР-РВ). Рассчитаны частоты аллелей и генотипов, проведена проверка соответствия равновесию Харди-Вайнберга, выполнены сравнения средних значений признаков между генотипами.

Результаты. В популяции преобладает аллель G (0,59). Частоты генотипов: C/C – 19,9, C/G – 42,9, G/G – 37,2 %. Выявлено отклонение от равновесия Харди-Вайнберга ($p < 0,05$) с дефицитом гетерозигот. Коровы с генотипом G/G имели тенденцию к большей живой массе, но достоверно более поздний возраст первого плодотворного осеменения ($p < 0,1$) и требовали большего числа осеменений для зачатия ($p < 0,05$) по сравнению с другими генотипами.

Заключение. Полиморфизм C/G гена *bGH* ассоциирован с показателями ранней репродуктивной эффективности у коров джерсейской породы. Генотип G/G связан с увеличением возраста первого плодотворного осеменения и снижением фертильности. Генотипы C/C и C/G могут быть предпочтительны при отборе по ранним репродуктивным качествам.

Ключевые слова: Ген гормона роста (*bGH*), полиморфизм, джерсейская порода, репродуктивные качества, крупный рогатый скот, исследование ассоциаций, возраст первого осеменения, кратность осеменения

Финансирование

Исследования выполнены в рамках реализации субсидии из федерального бюджета на финансовое обеспечение выполнения государственного задания на оказание государственных услуг (выполнение работ) от 25 апреля 2024 г. № 082-03-2024-220/3

Для цитирования: Олейник С.А., Лесняк А.В. Генетическое разнообразие гена гормона роста и его связь с репродуктивной функцией у джерсейского скота. *Аграрный вестник Северного Кавказа*. 2025;15(2):42–52. <https://doi.org/10.31279/2949-4796-2025-15-2-42-52>
EDN UGPXUC

<https://doi.org/10.31279/2949-4796-2025-15-2-42-52>

EDN UGPXUC

Received: 07.03.2025

Revised: 26.05.2025

Accepted: 02.06.2025

Genetic Diversity of the Growth Hormone Gene and its Association with Reproductive Function in Jersey Cattle

✉ S.A. Oleinik, A.V. Lesnyak

Stavropol State Agrarian University, Stavropol, Russia

✉ soliynik60@gmail.com

Abstract

Introduction. The reproduction efficiency is critically important for the profitability of cattle breeding. The growth hormone gene (bGH) represents a promising candidate for investigating associations with economically important traits.

Aim. To examine the genetic diversity of the C/G polymorphism in the bGH gene and its associations with body weight, age and number of inseminations required for first successful conception in Jersey breed cows.

Materials and methods. The study was conducted on 361 Jersey breed cows. Zootechnical records of reproductive traits were analyzed in relation to genotyping results for the C/G polymorphism in the bGH gene (using PCR-RFLP). We calculated allele and genotype frequencies, tested for Hardy-Weinberg equilibrium and compared mean trait values between genotypes.

Results. The G allele was predominant in the population (0.59). Genotype frequencies were: C/C – 19.9, C/G – 42.9, G/G – 37.2 %. A deviation from Hardy-Weinberg equilibrium ($p < 0.05$) with heterozygote deficiency was observed. Cows with the G/G genotype showed a tendency toward greater body weight but demonstrated significantly later age at first conception ($p < 0.1$) and required more inseminations to achieve conception ($p < 0.05$) compared to other genotypes.

Conclusion. The C/G polymorphism in the bGH gene is associated with early reproductive performance indicators in Jersey breed cows. The G/G genotype correlates with increased age at first conception and reduced fertility. The C/C and C/G genotypes may be preferable for selection based on early reproductive characteristics.

Keywords: Growth hormone gene (*bGH*), polymorphism, Jersey cattle, reproductive traits, association study, age at first insemination, insemination frequency

Funding

The research was carried out as part of the implementation of a subsidy from the federal budget for financial support of the state assignment for the provision of public services (performance of work) dated April 25, 2024 No. 082-03-2024-220/3

To cite: Oleinik S.A., Lesnyak A.V. Genetic Diversity of the Growth Hormone Gene and its Association with Reproductive Function in Jersey Cattle. *Agrarian Bulletin of the North Caucasus*. 2025;15(2):42–52. (In Russ.). <https://doi.org/10.31279/2949-4796-2025-15-2-42-52> EDN UGPXUC

Введение

Эффективность молочного скотоводства тесно связана с репродуктивной функцией стада, которая определяет темпы воспроизводства, продолжительность продуктивного использования животных и, в конечном счете, экономическую рентабельность отрасли. Оптимизация репродуктивных качеств, таких как возраст первого отела, продолжительность сервис-периода и межотельного интервала, является одной из ключевых задач современной селекции крупного рогатого скота (КРС) [1–3]. Джерсейская порода, ценящаяся за высокое качество молока с повышенным содержанием жира и белка, также требует внимания к улучшению репродуктивных показателей для максимальной реализации ее генетического потенциала. По данным Всероссийского научно-исследовательского института племенного дела, в 2023 году практически 13 % маточного поголовья джерсейской породы сосредоточено в Ставропольском крае¹. Этот факт подчеркивает значимость изучения генетических особенностей у животных данной породы, поскольку результаты могут быть экстраполированы на значительную часть российской популяции джерсейского скота.

Важную роль в регуляции физиологических процессов, включая рост, метаболизм и репродукцию, играет гормон роста (*bGH*). Этот полипептидный гормон, секретируемый передней долей гипофиза, оказывает плеiotропное действие на организм. Исследования показывают, что *bGH* влияет на репродуктивную систему как прямо, так и опосредованно, участвуя в развитии фолликулов яичников, созревании ооцитов, функции желтого тела и раннем эмбриональном развитии. Механизмы этого влияния включают модуляцию чувствительности яичников к гонадотропинам и участие в локальных паракринных и аутокринных регуляторных путях [4–6].

Ген гормона роста у крупного рогатого скота рассматривается как один из перспективных генов-кандидатов, вариации в котором могут быть связаны с хозяйственно полезными признаками [7–10]. Полиморфизм данного гена, проявляющийся в виде однонуклеотидных замен (SNP) или других структурных изменений, может влиять на экспрессию гена, структуру или биологическую активность самого гормона, что потенциально отражается на фенотипе животных [8; 11].

В многочисленных исследованиях изучалась связь полиморфизмов гена гормона роста с различными показателями продуктивности у КРС. Были выявлены ассоциации с молочной продуктивностью, составом молока и скоростью роста. Результаты этих исследований часто зависят от конкретного полиморфизма, изучаемой породы и условий окружающей среды [12–14].

Учитывая роль гормона роста в различных физиологических процессах, влияние полиморфизма гена *bGH* на репродуктивные качества также является предметом изучения. Некоторые работы указывают на наличие связи между генотипами по гену *bGH* и такими показателями, как возраст первого отела, продолжительность сервис-периода и интервал между отелами у различных пород КРС, включая голштинскую и абердин-ангусскую [7–9]. Однако данные остаются неоднозначными. Часть исследований не выявила статистически значимых ассоциаций между полиморфизмами гена гормона роста и репродуктивными признаками [11], что подчеркивает необходимость дальнейших исследований в этой области. Кроме того, генетический фон породы может существенно влиять на проявление эффектов отдельных генов [1].

Несмотря на определенный объем данных по другим породам, информация о связи полиморфизмов гена *bGH* с репродуктивными качествами именно у джерсейской породы КРС остается ограниченной. Ген *bGH* локализован на хромосоме 19 (BTA19) и состоит из пяти экзонов и четырех интронов. В гене *bGH* описано несколько полиморфизмов, один из наиболее изученных – это однонуклеотидный полиморфизм (SNP) в пятом экзоне, известный как AluI-полиморфизм (также обозначаемый как L/V-полиморфизм). Этот полиморфизм возникает из-за замены нуклеотида цитозина (C) на гуанин (G) в 127-м кодоне, что приводит к аминокислотной замене лейцина (L, кодируется CTC) на валин (V, кодируется GTC) в зрелом белке *bGH* (p.Leu127Val). Таким образом, данный полиморфизм является несинонимичным и изменяет аминокислотный состав белка, что потенциально может влиять на его третичную структуру, стабильность или взаимодействие с рецепторами. Хотя ассоциации этого и других полиморфизмов гена *bGH* (например, MspI в интроне 3) с молочной продуктивностью и некоторыми другими хозяйственно полезными признаками исследовались у различных пород, их связь с репродуктивной функцией у джерсейского скота

¹ Шичкин И. М., Сафина Г. Ф., Дунин И. М. Ежегодник по племенной работе в молочном скотоводстве в хозяйствах Российской Федерации (2023 год) Лесные Поляны, ВНИИплем. 2024. 242 с.

изучена недостаточно. Учитывая специфику породы и важность репродуктивной функции для молочного скотоводства, изучение генетических маркеров, ассоциированных с репродуктивными признаками у джерсейского скота, представляет значительный научный и практический интерес. Выявление таких маркеров может способствовать разработке более эффективных программ селекции, направленных на улучшение воспроизводительных способностей животных.

Помимо гена гормона роста, продолжается активный поиск и других генетических маркеров, ассоциированных с репродуктивной функцией у КРС. Различные исследования направлены на выявление связей между полиморфизмами в других генах-кандидатах или регионах генома и такими важными признаками, как фертильность, возраст полового созревания и интервалы между отелами [15; 16]. Особое внимание уделяется изучению генетических особенностей в конкретных популяциях и породах. Так, ряд работ отечественных исследователей посвящен анализу генетических маркеров, включая и ген гормона роста, и их связи с продуктивными и репродуктивными показателями у скота различных пород, разводимых в России и сопредельных странах, что вносит вклад в понимание генетической структуры популяций и возможностей маркер-ассоциированной селекции в специфических условиях [17–21]. Эти исследования подчеркивают комплексную природу репродуктивных признаков, на которые влияет множество генов и факторов среды, и подтверждают необходимость дальнейшего накопления данных по различным породам и популяциям.

Целью настоящего исследования явилось изучение генетического разнообразия и ассоциаций полиморфизма гена гормона роста (*bGH*) с основными репродуктивными качествами у коров джерсейской породы.

Материалы и методы

Материалы

Объектом исследования служило поголовье крупного рогатого скота джерсейской породы в количестве 361 корова. Животные принадлежат племенному репродуктору ООО «Агроальянс Инвест», расположенному в Ставропольском крае. Выборка формировалась из первотелок с законченной первой лактацией (305 дней).

Информация по репродуктивным качествам была получена из официальных запи-

сей первичного зоотехнического и племенного учета хозяйства.

Для анализа были отобраны следующие показатели: живая масса при первом плодотворном осеменении (кг), возраст первого плодотворного осеменения (дней) и кратность осеменения до первого плодотворного (раз).

Этические аспекты

Все исследования проводились с соблюдением требований, изложенных в Директиве Европейского парламента и Совета ЕС от 22 сентября 2010 года № 2010/63/ЕС о защите животных, использующихся для научных целей ², и принципов обращения с животными, согласно статье 4 ФЗ РФ № 498-ФЗ ³.

Процедура исследования

Для проведения молекулярно-генетического анализа у всех 361 животного был произведен отбор проб венозной крови. Кровь отбирали из яремной вены в вакуумные пробирки объемом 5 мл, содержащие в качестве антикоагулянта КЗ-ЭДТА.

Следующая часть исследований проводилась в Лаборатории молекулярно-генетической экспертизы ФГБОУ ВО Ставропольский ГАУ (номер госрегистрации в племенном регистре РФ № 262704803000, Свидетельство о регистрации в государственном племенном регистре, серия ПЖ 77; № 010649).

Выделение геномной ДНК из образцов крови проводили с использованием коммерческого набора для выделения ДНК «М-Сорб-Кровь» (ООО «НПФ Синтол», Россия) согласно инструкции производителя, на приборе Auto-Pure 96 (Allsheng, Китай). В состав набора входил лизирующий буфер, магнитные частицы, промывочный буфер, элюирующий буфер.

Идентификацию полиморфизма C/G в гене гормона роста (*bGH*) проводили методом полимеразной цепной реакции в режиме реального времени с использованием коммерческого набора «Набор для определения полиморфизма C/G гена *bGH*» (ООО «НПФ Синтол», Россия) согласно инструкции производителя, на приборе Rotor-Gene Q (QIAGEN GmbH, Германия). Данный набор включает аллель-специфичные зонды, конъюгирован-

² https://ruslasa.ru/wp-content/uploads/2017/06/Directive_201063_rus.pdf

³ Федеральный закон от 27.12.2018 № 498-ФЗ (ред. от 24.07.2023) «Об ответственном обращении с животными и о внесении изменений в отдельные законодательные акты Российской Федерации».

ные с различными флуорофорами для детекции аллелей С и G.

Фланкирующая последовательность:

gtctctccctcccttggsaggag(c/g)
tggaagatggcaccscgggctgg

Программа амплификации включала предварительную денатурацию 94 °C (3 мин), затем 10 циклов 94 °C (20 с), 58 °C (20 с), 61 °C (30 с), затем 30 циклов 94 °C (20 с), 58 °C (20 с), 61 °C (30 с) с регистрацией флуоресценции.

Анализ данных

Статистическую обработку полученных данных выполняли с использованием программного обеспечения MS Excel.

Частоты аллелей (С и G) и генотипов (C/C, C/G, G/G) рассчитывали по стандартным формулам популяционной генетики методом прямого подсчета.

Соответствие наблюдаемого распределения частот генотипов теоретически ожидаемому при равновесии Харди-Вайнберга проверяли с использованием критерия χ^2 (хи-квадрат).

Для оценки влияния генотипа по гену *bGH* на количественные признаки (живая масса, возраст при первом плодотворном осеменении и кратность осеменения до первого плодотворного) проводили попарные сравнения средних значений между группами животных с разными генотипами с использованием *t*-критерия Стьюдента.

Статистически значимыми считали различия при уровне $p < 0,05$. Значения в диапазоне $0,05 \leq p \leq 0,1$ интерпретировались как статистическая тенденция. Данные в таблицах представлены в виде «среднее значение $\pm$ стандартная ошибка среднего» (Mean $\pm$ SEM).

Результаты

Анализ генетического разнообразия в исследованной популяции показал наличие двух аллельных вариантов гена *bGH*: С и G. При этом частота встречаемости аллеля G оказалась выше и составила 0,59, в то время как частота аллеля С находилась на уровне 0,41. Эти данные свидетельствуют о преобладании аллеля G в данной конкретной выборке животных джерсейской породы (рисунок 1).

Распределение животных по генотипам выявило присутствие всех трех вариантов: C/C, C/G и G/G. Наибольшая доля в популяции приходилась на гетерозиготных особей с генотипом C/G (42,9 %, $n = 155$). На втором месте по встречаемости находились животные с гомозиготным генотипом G/G (37,2 %, $n = 134$), а наименьшая частота была зафиксирована для гомозиготного генотипа C/C (19,9 %, $n = 72$) (рисунок 2).

При этом ожидаемая частота генотипов C/C (17,1 %) и G/G (34,3 %) оказалась ниже наблюдаемой, 19,9 и 37,2 % соответственно. Гетерозиготный генотип C/G наоборот показал повешенную ожидаемую частоту в 48,5 % по сравнению с наблюдаемой (42,9 %), что говорит об избытке гетерозиготных особей по гену гормона роста в изучаемой выборке.

Проверка соответствия наблюдаемого распределения генотипов теоретически ожидаемому при условии равновесия Харди-Вайнберга с применением статистического критерия χ^2 Пирсона показала, что наблюдаемое распределение генотипов статистически значимо отличается от ожидаемого при равновесии Харди-Вайнберга (таблица 1).

Рассчитанное значение критерия χ^2 составило 4,71. При одной степени свободы ($df = 1$) данное значение соответствует p -значению, находящемуся в диапазоне между 0,02 и 0,05.

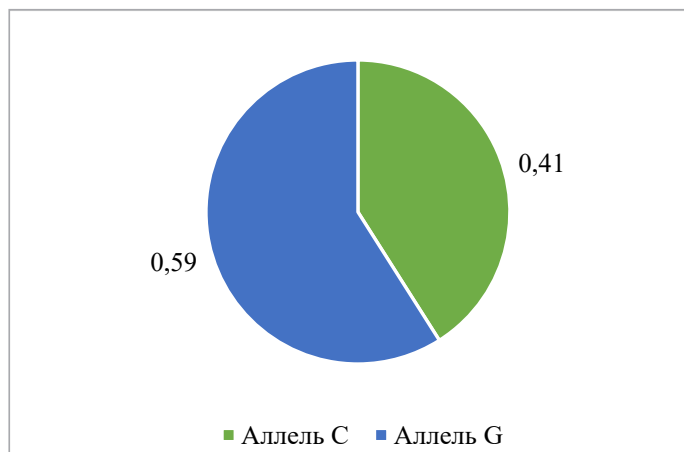


Рис. 1 – Распределение частоты встречаемости аллельных вариантов гена *bGH*
Fig. 1 – Frequency distribution of allelic variants of the *bGH* gene

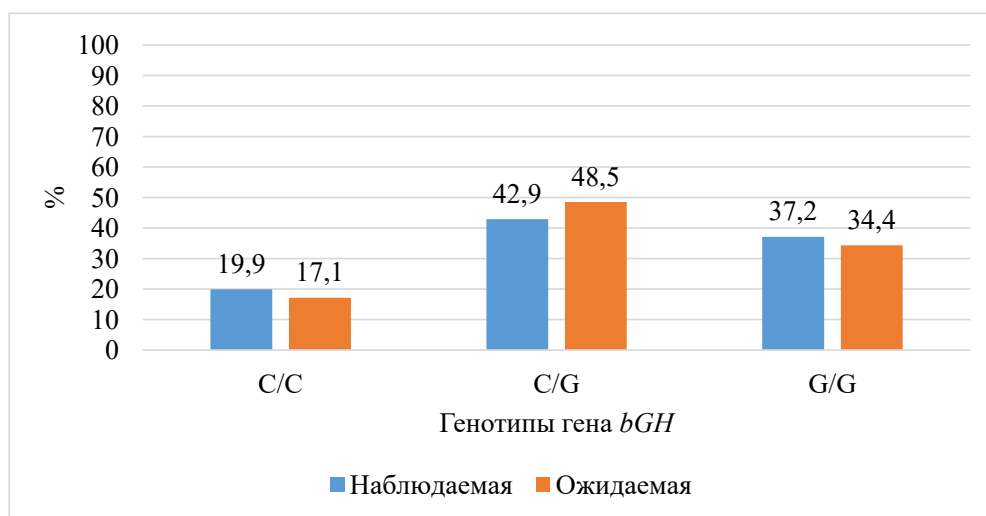


Рис. 2 – Распределение наблюдаемой и ожидаемой частоты встречаемости генотипов гена *bGH* ($n = 361$)

Fig. 2 – Distribution of the observed and expected frequency of occurrence of *bGH* gene genotypes ($n = 361$)

Для более детального анализа отклонения от равновесия Харди-Вайнберга были рассчитаны показатели наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности. Наблюдаемая гетерозиготность (H_o), представляющая собой долю гетерозиготных особей в выборке, составила 0,429. Ожидаемая гетерозиготность (H_e) оказалась равной 0,485. Сравнение этих двух показателей выявило дефицит гетерозигот в исследуемой популяции: наблюдаемая гетерозиготность оказалась ниже ожидаемой.

Для оценки влияния полиморфизма в гене *bGH* на репродуктивные показатели и живую массу молочного скота джерсейской породы при первом успешном осеменении были проанализированы данные по генотипам животных и соответствующим признакам. Эффекты отдельных генотипов *bGH* на живую массу, возраст и кратность осеменения при первом успешном осеменении приведены в таблице 2.

Таблица 1 – Генетическая структура коров джерсейской породы по гену *bGH*

Table 1 – Genetic structure of Jersey cows by the *bGH* gene

Ген	Генотип	Наблюдаемое количество (n)	Ожидаемое количество (n)	χ^2	H_o	H_e
<i>bGH</i>	C/C	72	62	1,61	0,429	0,485
	C/G	155	175	2,29		
	G/G	134	124	0,81		

Примечание: χ^2 – критерий Пирсона, H_o – наблюдаемая гетерозиготность, H_e – ожидаемая гетерозиготность

Note: χ^2 – Pearson's chi-squared test, H_o – observed heterozygosity, H_e – expected heterozygosity

Таблица 2 – Связь генотипов гена *bGH* с показателями живой массы и возраста 1-го плодотворного осеменения

Table 2 – Relationship of *bGH* gene genotypes with live weight and age of the 1st fertile insemination

Показатель	Генотип гена <i>bGH</i>		
	CC ¹	CG ²	GG ³
Количество животных, гол.	72	155	134
Живая масса при 1-м плодотворном осеменении, кг	304,83 ± 3,63	305,38 ± 2,40	310,20 ± 2,69
Возраст 1-го плодотворного осеменения, дней	368,75 ± 3,72	372,00 ± 2,58	377,23 ± 3,45 ^{1*}
Кратность осеменения до 1-го плодотворного, раз	1,59 ± 0,09	1,55 ± 0,06	1,82 ± 0,09 ^{1*} , ^{2**}

Примечание: * – $p < 0,1$; ** – $p < 0,05$ (индексы указывают на генотип, с которым проводилось сравнение)

Note: * – $p < 0,1$; ** – $p < 0,05$ (indices present the genotype being compared)

Анализ таблицы 2 показывает, что генотип *bGH* влияет на живую массу при первом успешном осеменении и на возраст при первом успешном осеменении. Животные с генотипом G/G имели живую массу при первом успешном осеменении на 1,7 % (5,37 кг) больше, чем животные с генотипом C/C, и на 1,67 % (4,82 кг) больше, чем животные с генотипом C/G.

Возраст при первом успешном осеменении у животных с генотипом G/G был на 2,3 % (8 дней) больше, чем у животных с генотипом C/C, и на 1,4 % (5 дней) больше, чем у животных с генотипом C/G ($p \leq 0,1$).

Дополнительно был проанализирован показатель кратности осеменения до первого плодотворного. Установлено, что коровы с генотипом G/G требовали в среднем большего числа осеменений (1,82) для достижения первой стельности по сравнению с генотипами C/G (1,55) и C/C (1,59). Различия были статистически значимы при сравнении G/G с C/G ($p < 0,05$) и носили характер тенденции при сравнении G/G с C/C ($p < 0,1$).

Полученные результаты свидетельствуют о наличии генетического разнообразия по гену *bGH* в исследованной популяции джерсейского скота с преобладанием аллеля G. Выявленное отклонение от равновесия Харди-Вайнберга, характеризующееся дефицитом гетерозигот, может указывать на действие определенных эволюционных или селекционных факторов в данной популяции (например, инбридинг, отбор против гетерозигот или наличие субпопуляционной структуры).

Анализ ассоциаций показал, что генотип G/G связан с более высокой живой массой при первом осеменении, хотя статистическая значимость этого эффекта не подтверждена. Важно отметить, что этот же генотип (G/G) ассоциирован со статистически значимым (на уровне тенденции, $p \leq 0,1$) увеличением возраста первого плодотворного осеменения. Это может указывать на потенциальный антагонизм: аллель G, возможно, способствуя большему росту и массе, одновременно несколько задерживает достижение репродуктивной зрелости или успешное оплодотворение. Генотипы C/C и C/G, напротив, ассоциированы с более ранним возрастом первого плодотворного осеменения и меньшим числом осеменений на зачатие. Эти данные представляют интерес для селекции джерсейской породы, так как позволяют учитывать генетические особенности животных при отборе по признакам роста и репродукции.

Обсуждение

Настоящее исследование было посвящено изучению полиморфизма гена гормона роста (*bGH*) и его связи с живой массой, возрастом и кратностью осеменения при первом плодотворном осеменении у коров джерсейской породы.

В исследованной выборке джерсейского скота были идентифицированы два аллеля гена *bGH* (C и G) с преобладанием аллеля G (0,59). Частоты генотипов распределились следующим образом: C/G (42,9 %), G/G (37,2 %) и C/C (19,9 %). Сравнение этих частот с данными по другим породам требует осторожности, так как частоты аллелей могут значительно варьировать. Например, в исследованиях Dario C. с соавт. [8] и Demeter R. M. с соавт. [13] на голштинской породе отметили наличие полиморфизма в гене гормона роста, но с иными частотами аллелей, что подчеркивает породную специфику и возможное влияние направленной селекции. Наши данные по частотам аллелей и генотипов представляют первичную информацию для джерсейской популяции в данном регионе.

Важным результатом является выявленное статистически значимое отклонение наблюдаемого распределения генотипов от ожидаемого при равновесии Харди-Вайнберга ($\chi^2=4,71$, $p < 0,05$), сопровождающееся дефицитом гетерозигот ($H_o = 0,429 < H_e = 0,485$). Отклонения от равновесия Харди-Вайнберга в популяциях сельскохозяйственных животных не являются редкостью и могут быть обусловлены различными факторами, такими как инбридинг (особенно в условиях ограниченной популяции или при использовании ограниченного числа быков-производителей), направленный отбор (возможно, неосознанный отбор против гетерозигот или в пользу одного из гомозиготных генотипов по признакам, сцепленным с геном *bGH*). Подобные отклонения отмечались и в других исследованиях генетических маркеров у КРС [9; 10].

Была отмечена тенденция к большей живой массе у животных с генотипом G/G по сравнению с C/C и C/G, хотя это различие не достигло статистической значимости на уровне $p < 0,05$ в нашем исследовании. В работах Arthur Donovan G. с соавт. (2003) [4] и Rachael M. Rodney с соавт. (2016) [6] отмечено, что ген гормона роста известен своим влиянием на рост и метаболизм, и ассоциации его полиморфизмов с ростовыми показателями были показаны, особенно у мясных пород, таких как абердин-ангусская, в исследованиях В. М. Габидулина с соавт. (2019) [9], где

определенные аллели связывали с увеличением скорости роста или живой массы.

Более значимые ассоциации были выявлены для репродуктивных показателей. Генотип G/G был связан со статистически значимым (на уровне тенденции, $p < 0,1$) увеличением возраста первого плодотворного осеменения. Это предположение подкрепляется результатами анализа кратности осеменения, где генотип G/G также ассоциировался со статистически значимым увеличением числа осеменений, необходимых для первого плодотворного зачатия ($p < 0,05$ по сравнению с C/G, $p < 0,1$ по сравнению с C/C). Это напрямую указывает на пониженную фертильность или вероятность зачатия у носителей генотипа G/G в первый репродуктивный период. Полученный результат согласуется с некоторыми исследованиями, где полиморфизмы гена гормона роста связывали с возрастом первого отела или другими показателями полового созревания [7; 8]. Например, в работе Pedro Augusto Silva Silveira с соавт. (2019) на голштинской породе была показана связь SNP в гене *bGH* с периодом сухостоя после отела. Однако результаты в литературе неоднозначны. Некоторые исследования не находят значимых ассоциаций полиморфизмов данного гена с репродуктивными признаками [11], что может быть связано с различиями в исследуемых полиморфизмах, породах, размерах выборок и учитываемых признаках.

Наблюдаемая в нашем исследовании связь генотипа G/G одновременно с тенденцией к большей живой массе с более поздним возрастом первого осеменения и увеличенной кратностью осеменения может указывать на сложный плейотропный эффект данного полиморфизма или на особенности энергетического метаболизма у носителей этого генотипа. Гормон роста играет ключевую роль в распределении питательных веществ между ростом, лактацией и репродукцией [4; 6]. Возможно, аллель G, способствуя более интенсивному росту или накоплению массы, несколько смещает энергетический баланс, что приводит к небольшой задержке в достижении репродуктивной готовности и/или снижению качества ооцитов или функции желтого тела. Поскольку *bGH* участвует в регуляции функции яичников, включая развитие фолликулов и стероидогенез [5; 6], исследуемый полиморфизм потенциально может модулировать эти ключевые аспекты репродукции. В свою очередь, это может отражаться на таких показателях, как время наступления овуляции, качество созревающих ооцитов и, в конечном итоге, на резуль-

тативность оплодотворения. Важно отметить, что выявленная разница в возрасте первого плодотворного осеменения (5–8 дней) относительно невелика, сопутствующее увеличение кратности осеменения в среднем на 0,2–0,25 попытки у носителей генотипа G/G может приобретать экономическую значимость в контексте управления стадом.

Важно учитывать, что репродуктивные признаки являются комплексными и контролируются множеством генов и факторов среды [1–3; 15; 16]. Ген *bGH* – один из потенциальных генетических факторов. Результаты, полученные отечественными исследователями [17–21] на различных породах в условиях России, также подчеркивают важность изучения генетических маркеров в конкретных популяционно-географических условиях для разработки региональных программ селекции.

К ограничениям данного исследования можно отнести умеренный размер выборки и анализ только трех ранних репродуктивных признаков. Статистическая значимость на уровне тенденции ($p < 0,1$) для возраста осеменения (G/G против C/C) и кратности осеменения (G/G против C/C) требует подтверждения на большей выборке.

Заключение

Молекулярно-генетический анализ гена *bGH* в исследованной выборке джерсейского скота ($n = 361$) подтвердил наличие полиморфизма C/G с преобладающей частотой аллеля G (0,59). Выявлено отклонение распределения генотипов от ожидаемого при равновесии Харди-Вайнберга ($p < 0,05$), обусловленное дефицитом гетерозиготных особей. Анализ ассоциаций показал, что генотип G/G, имея тенденцию к увеличению живой массы при первом осеменении, достоверно связан с увеличением возраста первого плодотворного осеменения и повышением кратности осеменения. Полученные результаты свидетельствуют о потенциальном плейотропном эффекте аллеля G, ассоциированном с показателями роста и снижением эффективности первого репродуктивного цикла у носителей генотипа G/G. Таким образом, полиморфизм гена *bGH* может служить потенциальным маркером для селекции джерсейской породы, при этом генотипы C/C и C/G идентифицированы как предпочтительные для оптимизации ранних репродуктивных характеристик. Необходимы дальнейшие исследования на расширенных выборках для валидации полученных ассоциаций и оценки практической применимости данного маркера.

Вклад авторов

С. А. Олейник: администрирование проекта, концептуализация, написание – обзор и редактирование.

А. В. Лесняк: формальный анализ, проведение исследования, написание – первоначальный проект, визуализация.

Contributions

S. A. Oleinik: project administration, conceptualization, writing – review & editing.

A. V. Lesnyak: formal analysis, investigation, writing – original draft, visualization.

Конфликт интересов

Авторы декларируют отсутствие явных и потенциальных конфликтов интересов, связанных с публикацией настоящей статьи.

Список литературы / References

1. Saleh A.A., Hassan T.G.M., EL-Hedainy D.K.A. et al. *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(341). <https://doi.org/10.1186/s12917-024-04188-4>
2. Anamika M.A., Bangar Y.C., Malik B.S., Garg A.R. Evaluation of candidate genotype of GH gene associated with growth, production and reproduction traits in Dairy Cows. *Reproduction in Domestic Animals*. 2022;57:711–721. <https://doi.org/10.1111/rda.14110>
3. Yadav D.K., Malik Z.S., Magotra A., Bangar Y.C. et al. Estimation of maternal and additive effect on reproduction and productive traits in Hardhenu cattle. *Reproduction in Domestic Animals*. 2024;59:14658. <https://doi.org/10.1111/rda.14658>
4. Arthur Donovan G., Fred L. Bennett, Frederick S. Springer. Factors associated with first service conception in artificially inseminated nulliparous Holstein heifers. *Theriogenology*. 2003;60(1):67–75. [https://doi.org/10.1016/S0093-691X\(02\)01296-7](https://doi.org/10.1016/S0093-691X(02)01296-7)
5. Grimard B., Freret S., Chevallier A., Pinto A., Ponsart C., Humblot P. Genetic and environmental factors influencing first service conception rate and late embryonic/foetal mortality in low fertility dairy herds. *Animal Reproduction Science*. 2006;91(1–2):31–44. <https://doi.org/10.1016/j.anireprosci.2005.03.003>
6. Rachael M. Rodney, Jenianne K. Hall, Charlotte T. Westwood, Pietro Celi, Ian J. Lean. Precalving and early lactation factors that predict milk casein and fertility in the transition dairy cow. *Journal of Dairy Science*. 2016;99(9):7554–7567. <https://doi.org/10.3168/jds.2015-10275>
7. Pedro Augusto Silva Silveira, Butler W.R. Thaís Casarin da Silva, Carlos Castilho Barros, Marcio Nunes Corrêa, Augusto Schneider. Association of polymorphisms in the *IGF-I*, *GHR* and *STAT5A* genes with serum *IGF-I* concentration and reproductive performance of Holstein dairy cows. *Animal Reproduction Science*. 2019;211:106206. <https://doi.org/10.1016/j.anireprosci.2019.106206>
8. Dario C., Carnicella D., Ciotola F., Peretti V., Bufano G. Polymorphism of Growth Hormone GH1-AluI in Jersey Cows and Its Effect on Milk Yield and Composition. *Animal Bioscience*. 2008;21(1):1–5. <https://doi.org/10.5713/ajas.2008.60586>
9. Габидулин В.М., Алимова С.А., Фролов А.Н., Салихов А.А. Показатели продуктивности у генотипированного молодняка абердин-ангусской породы по гену *bGH*. *Бюллетень Оренбургского научного центра УрО РАН*. 2019;4:29. <https://doi.org/10.24411/2304-9081-2019-14029>
Gabidulin V.M., Alimova S.A., Frolov A.N., Salikhov A.A. Productive traits in genotyped aberdeen-angus bull-calves by *bGH* gene. *Bulletin of the Orenburg Scientific Center of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences*. 2019;4:29. (In Russ.) <https://doi.org/10.24411/2304-9081-2019-14029>
10. Zakizadeh S., Rahimi G., Mirae-Ashtiani S.R., Nejati-Javaremi A., Moradi-Shahrababak M., Reinecke P., Reissmann M., Masoudi A.A., Amirinia C., Mirhadi S.A. Analysis of Bovine Growth Hormone Gene Polymorphisms in Three Iranian Native Breeds and Holstein Cattle by RFLP-PCR. *Biotechnology*. 2006;5:385–390. <https://doi.org/10.3923/biotech.2006.385.390>
11. Amiri S., Jemmali B., Ferchichi M.A., Jeljeli H., Boulbaba R., Ben Gara A. Assessment of growth hormone gene polymorphism effects on reproductive traits in Holstein dairy cattle in Tunisia. *Archives Animal Breeding*. 2018;61:481–489. <https://doi.org/10.5194/aab-61-481-2018>

12. Kovács K., Völgyi-Csík J., Zsolnai A., Györkös I., Fésüs, L. Associations between the AluI polymorphism of growth hormone gene and production and reproduction traits in a Hungarian Holstein-Friesian bull dam population. *Archives Animal Breeding*. 2006;49:236–249. <https://doi.org/10.5194/aab-49-236-2006>
13. Demeter R.M., Markiewicz K., J.A.M. van Arendonk, Bovenhuis H. Relationships between milk protein composition, milk protein variants, and cow fertility traits in Dutch Holstein-Friesian cattle. *Journal of Dairy Science*. 2010;93(11):5495–5502. <https://doi.org/10.3168/jds.2010-3525>
14. Mullen M.P., Berry D.P., Howard D.J., Diskin M.G., Lynch C.O., Berkowicz E.W., Magee D.A., MacHugh D.E., Waters S.M. Associations between novel single nucleotide polymorphisms in the Bos taurus growth hormone gene and performance traits in Holstein-Friesian dairy cattle. *Journal of Dairy Science*. 2010;93(12):5959–5969. <https://doi.org/10.3168/jds.2010-3385>
15. Hadi Z., Atashi H., Dadpasand M., Derakhshandeh A., Ghahramani Seno M.A. The relationship between growth hormone polymorphism and growth hormone receptor genes with milk yield and reproductive performance in Holstein dairy cows. *Iranian Journal Veterinary Research*. 2015;16(3):244–8. PMID: 27175183; PMCID: PMC4782692
16. Laura Falchi, Alberto Cesarani, Salvatore Mastrangelo, Gabriele Senczuk, Baldassare Portolano, Fabio Pilla, Nicolò P P Macciotta. Analysis of runs of homozygosity of cattle living in different climate zones. *Journal of Animal Science*. 2023;101:skad061. <https://doi.org/10.1093/jas/skad061>
17. Ларкина Т.А., Ширяев Г.В. GWAS как инструмент обнаружения SNPs у крупного рогатого скота для изучения их связи с воспроизводством, продуктивностью, ростом, поведением, болезнями. *Аграрная наука*. 2024;1(8):124–131. <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-385-8-124-131>
Larkina T.A., Shiryayev G.V. GWAS as a tool for detecting SNPs in cattle to study their relationship to reproduction, productivity, growth, behavior, diseases. *Agrarian science*. 2024;1(8):124–131. (In Russ.). <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-385-8-124-131>
18. Племяшов К.В. Пути совершенствования общегосударственной программы генетической экспертизы племенной продукции сельскохозяйственных животных. *Молочное и мясное скотоводство*. 2024;1:22–24. <https://doi.org/10.33943/MMS.2024.73.62.004>
Plemyashov K.V. Ways to improve the national program of genetic examination of breeding products of farm animals. *Dairy and Beef Cattle Breeding*. 2024;1:22–24. <https://doi.org/10.33943/MMS.2024.73.62.004>
19. Игошин А.В., Ромашов Г.А., Черняева Е.Н. и др. Сравнительный анализ частот ДНК-полиморфизмов, ассоциированных с заболеваниями и хозяйственно важными признаками, в геномах российских и зарубежных пород крупного рогатого скота. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2022;26(3):298–307. (In Russ.). <https://doi.org/10.18699/VJGB-22-28>
Igoshin A.V., Romashov G.A., Chernyaeva E.N. et al. Comparative analysis of the frequencies of DNA polymorphisms associated with diseases and economically important traits in the genomes of Russian and foreign cattle breeds. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2022;26(3):298–307. <https://doi.org/10.18699/VJGB-22-28>
20. Гайнутдинова Э.Р., Сафина Н.Ю., Шакиров Ш.К., Фаттахова З.Ф. Ассоциация полиморфизма гена лептин (LEP) с показателями воспроизводства голштинского скота отечественной и зарубежной селекции при различных технологиях доения и способах содержания. *Аграрный научный журнал*. 2022;12:58–61. <https://doi.org/10.28983/asj.y2022i12pp58-61>
Gaynutdinova E.R., Safina N.Yu., Shakirov Sh.K., Fattakhova Z.F. Association of leptin (LEP) gene polymorphism with reproduction traits of domestic and imported Holstein cattle in different milking technologies and housing conditions. *Agrarian Scientific Journal*. 2022;(12):58–61. (In Russ.). <http://dx.doi.org/10.28983/asj.y2022i12pp58-61>
21. Yuan R., Hascup E., Hascup K., Bartke A. Взаимосвязи между развитием, ростом, размерами тела, размножением, старением и долголетием – компромиссы и темп жизни. *Биохимия*. 2023;88(11):2051–2065. <https://doi.org/10.31857/S0320972523110039>
Yuan R., Hascup E., Hascup K., Bartke A. The relationships between development, height, body size, reproduction, aging, and longevity are trade-offs and the pace of life. *Biochemistry*. 2023;88(11):2051–2065. (In Russ.). <https://doi.org/10.31857/S0320972523110039>

СВЕДЕНИЯ ОБ АВТОРАХ

Олейник Сергей Александрович –
доктор сельскохозяйственных наук, старший
научный сотрудник, профессор базовой кафедры
частной зоотехнии, селекции и разведения
животных,
Ставропольский государственный аграрный
университет, г. Ставрополь, Россия
<https://orcid.org/0000-0002-6003-4777>
SPIN-код: [4916-7317](https://orcid.org/0000-0002-6003-4777)
soliynik60@gmail.com

Лесняк Артем Васильевич –
аспирант базовой кафедры частной зоотехнии,
селекции и разведения животных,
научный сотрудник лаборатории
молекулярно-генетической экспертизы,
Ставропольский государственный аграрный
университет, г. Ставрополь, Россия
<https://orcid.org/0000-0002-7451-2485>
SPIN-код: [2799-6465](https://orcid.org/0000-0002-7451-2485)
lesnyak.artem@mail.ru

ABOUT THE AUTHORS

Sergey A. Oleinik –
Dr. Sci. (Agriculture),
Prof., Senior Researcher, Basic Department
of Private Animal Science,
Animal Selection and Breeding,
Stavropol State Agrarian University,
Stavropol, Russia
<https://orcid.org/0000-0002-6003-4777>
soliynik60@gmail.com

Artem V. Lesnyak –
Postgraduate student,
Researcher,
Laboratory of Molecular
Genetic Examination,
Stavropol State Agrarian University,
Stavropol, Russia
<https://orcid.org/0000-0002-7451-2485>
lesnyak.artem@mail.ru