



DOI 10.32900/2312-8402-2023-129-164-171

УДК 636.1.082.26:575

ВИВЧЕННЯ ПОЛІМОРФІЗМУ ГЕНУ КАПА-КАЗЕЇНУ У ПОПУЛЯЦІЇ ПОРОДИ ШАРОЛЕ В УКРАЇНІ ТА ЙОГО ЗВ'ЯЗКУ З ОЗНАКАМИ ПРОДУКТИВНОСТІ

Росоха В. І., к. с.-г. н., с. н. с., <https://orcid.org/0000-0002-0978-9349>

Бойко О. А., к. с.-г. н., с. н. с., <https://orcid.org/0000-0003-3065-0461>

Олійниченко Є. К., к. с.-г. н. <https://orcid.org/0000-0002-1000-0683>

Інститут тваринництва НААН

Вивченню поліморфізму гену капа-казеїну у молочних порід великої рогатої худоби приділяється велика увага. У той самий час роботи з вивчення поліморфізму гена капа-казеїну у м'ясних порід нечисленні. У зв'язку з тим, що різні алелі даного гена по-різному впливають на показники надою та білка в молоці, цікаво було б виявити, чи існує вплив різних алелей гена капа-казеїну батьків на показники приросту потомства м'ясних порід. Однак такі роботи раніше не проводилися, що і стало метою нашого дослідження.

Вивчено поліморфізм гену капа-казеїну (к-Сп) у популяції породи шароле великої рогатої худоби (n=29) агрофірми «Привілля» (Україна, Луганська обл.) за допомогою методу ПЛР-ПДРФ. ДНК було отримано з крові худоби з використанням набору для виділення «ДНК-сорб В» («AmplifySens»). За використання ендонуклеази рестрикції Hind III (FastDigest, Thermo Scientific) визначено 2 алельних варіанти цього гену - А (273 п.н) та В (182, 91 п.н). Частота алелю А складала $0,57 \pm 0,065$, В – $0,43 \pm 0,065$. Показано, що популяція шароле 2021 року достовірно не відрізнялась від цієї ж популяції 2012 року за частотами алелей гену капа-казеїну – в 2012 році (n=49) частота алелю А була $0,61 \pm 0,054$, В – $0,39 \pm 0,054$. Це свідчить про відсутність впливу чинників динаміки популяції таких як селективний відбір, дрейф генів на частоти даного гену за період 10 років.

Частота генотипів АА дорівнювала 0,31, ВВ – 0,17, АВ – 0,52. Виявлено, що теоретично очікувана кількість генотипів, розрахована за законом Харді-Вайнберга достовірно не відрізнялась від фактичної кількості, тобто за цими алелями дана популяція знаходилася у рівноважному стані.

У різних за генотипом гену к-Сп корів розраховано значення показників приросту живої маси їх телят при відлученні (к₂), та середньодобового приросту їх телят (г). У коров з генотипом ВВ спостерігалась тенденція до збільшення показника приросту живої маси їх телят при відлученні за 210 діб ($206,0 \pm 5,65$ кг) та показника середньодобового приросту телят ($981,0 \pm 26,94$ г), у зрівнянні з генотипами АА ($201,4 \pm 8,08$ кг і $958,9 \pm 37,85$ г, відповідно) та АВ – ($196,8 \pm 2,45$ кг і $936,9 \pm 11,73$ г, відповідно). Водночас достовірних відмін між генотипами АА, ВВ і АВ за цими показниками виявлено не було.

Ключові слова: ген, капа-казеїн, велика рогата худоба, шароле, поліморфізм, м'ясна продуктивність.

Казеїни – це групи гетерогенних фосфопротеїдів, що самоасоціюються у міцели у присутності кальцію, цитратів та фосфатів [1]. З казеїнових фракцій білків молока найбільший інтерес становлять: α s1-казеїн, β -казеїн та к-казеїн. к-казеїн займає особливе місце серед складових частин казеїну [2]. За синтез к-казеїну у великої рогатої худоби відповідає ген капа-казеїну (CSN3). Нині виявле-



но 15 алельних варіантів гена *CSN3*, саме: А, В1, В2, В3, D, E, F1, F2, G1, G2, H, I та ін., при цьому найбільш поширеними алелями є алельні варіанти А і В [3].

Огляд сучасних джерел свідчить про те, що вивченню поліморфізму гена капа-казеїну у молочних порід великої рогатої худоби приділяється велика увага [4 - 10]. У той самий час роботи з вивчення поліморфізму гена капа-казеїну у м'ясних порід нечисленні [11]. У зв'язку з тим, що різні алелі даного гена по-різному впливають на показники надою та білка в молоці, цікаво було б виявити, чи існує вплив різних алелей гена капа-казеїну батьків на показники приросту потомства м'ясних порід. Однак такі роботи раніше не проводилися, що і послужило метою нашого дослідження.

Іншим цікавим питанням було вивчення зміни частоти алелей гену капа-казеїну у популяції породи шароле великої рогатої худоби за певний період часу, тому що такі дослідження не відомі, хоча молекулярні маркери (в тому числі структурних генів) набувають велику роль при вивченні динаміки популяцій сільськогосподарських тварин, що може мати не лише теоретичне, але і практичне значення в зв'язку з моніторингом зберігання рідких алелей в генофонді великої рогатої худоби [12, 13].

Мета дослідження - вивчення поліморфізму гену капа-казеїна (*κ-Cn*) у популяції породи шароле в 2021 році в зрівнянні з попередніми даними, отриманими нами на цієї ж популяції у 2011 році, а також пошук асоціацій поліморфізму цього гену у корів з показниками приросту живої маси їх телят.

Матеріали та методи досліджень. Дослідження проведено на поголів'ї великої рогатої худоби породи шароле (n=29) агрофірми «Привілля» (Луганська обл.) в 2021 році. Отримані дані було порівняно з даними 2012 року, отриманими на цієї ж популяції шароле (n=49) яка на той час знаходилась у ФХ «Хирлюк и Ко» (Донецька обл.) [14].

ДНК отримана з крові худоби з використанням набору для виділення «ДНК-сорб В» («AmplifySens»), згідно з інструкцією виробника.

Аналіз поліморфізму генів здійснено методом ПЛР-ПДРФ. Локус-специфічну ампліфікацію фрагмента гену *CSN3* проводили в автоматичному режимі на термоциклері AMPLY-4, використовуючи наступні праймери [15]:

F: 5'- GAAATCCCTACCATCAATACC -3',

R: 5'- CCACTACCTAGTTTAGATG -3'.

Реакційна суміш вміщала 0,25 од активності полімерази, 1-кратний реакційний буфер, 2 мМ Mg²⁺, 0,25 мМ розчин кожного дНТФ (дАТФ, дТТФ, дЦТФ, дГТФ), 0,4 мкМ розчин праймерів.

Температурний режим проведення ПЛР для ампліфікації: 1 цикл – денатурація 94°C 5 хв; далі 35 циклів за схемою – денатурація 94°C 30 с, відпал 54°C – 30 с, елонгація 72°C 60 с (в останньому циклі протягом 10 хв).

Для рестриктазного гідролізу ампліфікованого фрагмента використовували ендонуклеазу рестрикції Hind III (FastDigest, Thermo Scientific) відповідно до інструкцій виробника.

Продукти рестрикції розділяли в 3 % агарозному гелі за напруги 200 V протягом 40 хв. Візуалізацію проводили з використанням бромистого етидію в ультрафіолетовому спектрі.

У корів різних за генотипом за геном *κ-Cn* (n=29) було досліджено показники приросту живої маси їх телят при відлученні (кг), та середньодобового приросту їх телят (г). Показник приросту живої маси їх телят при відлученні за 210 діб розраховувався, як різниця між масою телят при відлученні за 210 діб і їх ма-



сою при народженні (кг), показник середньодобового приросту телят розраховувався діленням приросту живої маси на 210 діб (г)

Живу масу тварин встановлювали шляхом їх зважування на електронних вагах з точністю до 0,1 кг при народженні та при відлученні, у віці 210 діб.

Згідно з результатами молекулярно-генетичного аналізу були розраховані частоти алелів та генотипів. Аналіз достовірності відмінностей живої маси тварин різних груп проводили за допомогою t-критерію Стьюдента, відповідність генетичній рівновазі популяції за Харді-Вайнбергом методом χ^2 згідно загальноприйнятих методик [16].

Результати досліджень. В результаті досліджень встановлено, що фрагмент гена *CSN3* у тварин даної популяції шароле за цією мутацією є поліморфним. Після рестрикції ампліконів (273 п.н.) було виявлено 2 алельних варіанти цього гену А (273 п.н) та В (182, 91 п.н) (рис. 1).

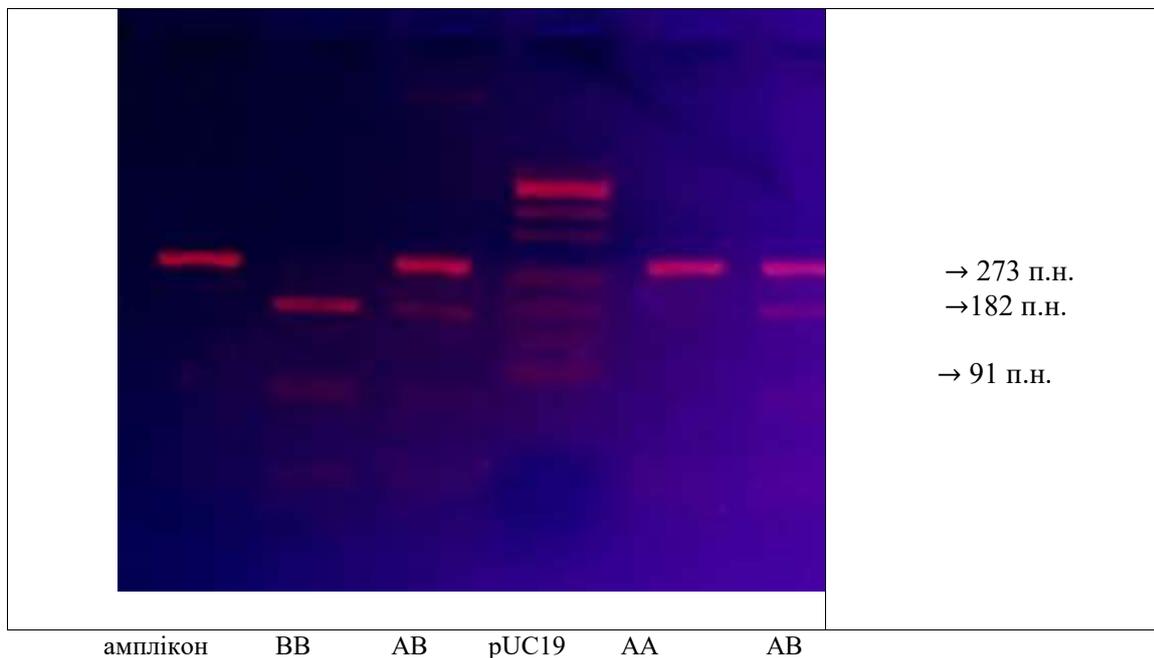


Рис. 1. Електрофореграма продуктів рестрикції фрагмента гена *κ-Sn* у породи шароле великої рогатої худоби (2021 рік)

Примітка: амплікон – 273 п.н., генотип AA – 273 п.н., BB – 182, 91 п.н., AB – 273, 182, 91 п.н., маркер молекулярних мас *pUC19 DNA/MspI (HpaII)*: 501, 404, 331, 242, 190, 147, 111 п.н.

Частота алелю А складала $0,57 \pm 0,065$, В – $0,43 \pm 0,065$.

Огляд літератури з вивчення частоти алелів гена *κ-Sn* у великої рогатої худоби свідчить про те, що найбільш поширеними алелями є алельні варіанти А і В. У більшості вивчених молочних порід частота алелю А перевищувала частоту алелю В. Так, частота алелю А знаходилася в межах – 0,60 - 0,97, В - 0,03 - 0,40 [4 - 10]. Дослідження, проведені на м'ясних породах великої рогатої худоби (герфордська, лімузинська, обрак, симентальська) також свідчили про переважання частоти алелю А над В (0,755 і 0,245, відповідно) [11]. Тобто отримані нами дані на породі шароле про перевагу частоти алеля А над частотою алеля В збігаються з результатами досліджень, отриманих на інших породах.

Частота генотипів AA дорівнювала 0,31, BB – 0,17, AB – 0,52. Виявлено, що теоретично очікувана кількість генотипів, розрахована за законом Харді-



Вайнберга достовірно не відрізнялась від фактичної кількості, тобто за цими алелями дана популяція знаходиться у рівноважному стані.

В популяції шароле в 2012 року частота алелю А у складала $0,61 \pm 0,054$, В – $0,39 \pm 0,054$ [14]. Популяція 2021 року не відрізнялись від цієї ж популяції 2012 року за частотами алелей гену *κ-Sn*, достовірних відмін між частотами алелей за даним геном у популяції за період 10 років виявлено не було. Це свідчить про відсутність впливу чинників динаміки популяції, таких як селективний відбір, дрейф генів на частоти даного гену за період 10 років.

У корів різних за генотипом за геном *κ-Sn* досліджено показник приросту живої маси їх телят при відлученні за 210 діб (кг) та показник середньодобового приросту телят (г) (табл. 1).

Таблиця 1

Приріст живої маси телят при відлученні (за 210 діб) (кг) та середньодобовий приріст телят (г) у корів породи шароле різних за генотипом за геном капа-казеїну

Генотип корів за геном капа-казеїну	Приріст живої маси телят при відлученні (за 210 діб), кг.	Середньодобовий приріст телят, г
AA	201,4 ± 8,08	958,9 ± 37,85
BB	206,0 ± 5,65	981,00 ± 26,94
AB	196,8 ± 2,45	936,9 ± 11,73

Як видно із таблиці, найбільше значення показника приросту живої маси телят при відлученні спостерігалось у корів генотипу BB 206 кг (при цьому маса телят при відлученні була в 5,9 разів вищою, ніж при народженні), найменше – у AB - 196 кг (маса при відлученні перевищувала масу при народженні в 5,6 разів), значення приросту живої маси у AA займала проміжне значення – 201 кг (тобто маса при відлученні була в 5,7 разів вище, ніж при народженні), у зрівнянні з двома іншими генотипами. Водночас достовірних відмін між генотипами AA, BB і AB за цим показником виявлено не було,

Відповідно, показник середньодобового приросту телят у корів з генотипом BB був найвищим і складав 981 г, у AB – найнижчим – 936,9 г, у AA – значення показника складало 958,9 г. Достовірних відмін між генотипами AA, BB і AB за цим показником також виявлено не було. Таким чином, отримані дані свідчить про тенденції до збільшення приросту живої маси телят і середньодобового приросту телят у корів з генотипом BB, у порівнянні генотипами AA і AB. Можливо, недостатня кількість корів з генотипом BB не дозволила в цієї роботі отримати доствірні відмінності між даними генотипами. Отримані тенденції потребують подальшого вивчення на інших популяціях породи шароле і інших породах великої рогатої худоби.

Згідно з літературними джерелами, відомо, що алелі та генотипи за геном *CSN3* впливають на різні показники молочної продуктивності корів. Аналіз досліджень асоціації генотипів *CSN3* корів різних порід з показниками молочної продуктивності, свідчить о наступній тенденції: щоденний удій (AA>AB>BB), масова частка білка в молоці (BB>AB>AA) [17, 18]. Можливо, що саме збільшення масової частки білка у молоці у корів з генотипом BB впливало на показники приросту живої маси їх телят, але це припущення потребує подальшого вивчення.



Висновки:

1. В результаті досліджень за допомогою методу ПЛР-ПДРФ за використання ендонуклеази рестрикції *Hind III* встановлено поліморфізм фрагмента гена капа-казеїну в популяції великої рогатої худоби породи шароле ($n=29$) агрофірми «Привілля» (Україна, Луганська обл.) Частота алеля А складала $0,57 \pm 0,065$, В – $0,43 \pm 0,065$.

2. Частота генотипів АА дорівнювала 0,31, ВВ – 0,17, АВ – 0,52. Теоретично очікувана кількість генотипів, розрахована за законом Харді-Вайнберга достовірно не відрізнялась від фактичної кількості, тобто за цими алелями дана популяція знаходиться у рівноважному стані.

3. Показано, що за частотами алелей гену *κ-Cn* популяція 2021 року не відрізнялись цієї ж популяції 2012 року (в 2012 року частота алелю А була $0,61 \pm 0,054$, В – $0,39 \pm 0,054$), достовірних відмін між частотами алелей за даним геном у популяції за період 10 років виявлено не було. Отримані дані свідчать про відсутність впливу чинників динаміки популяції, таких як селективний відбір, дрейф генів на частоти гену *κ-Cn* у породі шароле за період 10 років.

4. У корів з генотипом ВВ за геном *κ-Cn* спостерігалась тенденція до збільшення показника приросту живої маси їх телят при відлученні за 210 діб ($206,0 \pm 5,65$ кг) та показника середньодобового приросту телят ($981,0 \pm 26,94$ г), у зрівнянні з генотипами АА ($201,4 \pm 8,08$ кг і $958,9 \pm 37,85$ г, відповідно) та АВ – ($196,8 \pm 2,45$ кг і $936,9 \pm 11,73$ г, відповідно). Водночас достовірних відмін між генотипами АА, ВВ і АВ за цими показниками виявлено не було.

Бібліографічний список

1. Юкало В. Г. Біологічна активність протеїнів і пептидів молока: монографія. Тернопіль: Вид-во ТНТУ імені Івана Пулюя, 2021. 372 с.

2. Хаертдинов Р. А., Афанасьев М. П., Хаертдинов Р. Р. Белки молока. Казань: Идел-Пресс, 2009. 256 с.

3. Martin P., Bianchi L., Cebo C., Miranda G. Genetic polymorphism of milk proteins: Quantitative variability and molecular diversity. *Advanced dairy chemistry. V. 1A: Proteins: Basic Aspects, 4th ed.* New York, 2013. P. 387 – 429. <https://doi.org/10.1007/978-1-4614-4714-6>

4. Долматова И. Ю., Валитов Ф. Р. Оценка генетического потенциала крупного рогатого скота по маркерным генам. *Вестник Башкирского университета.* 2015. Т. 20, № 3. С. 850–852.

5. Kostyunyna O. V., Konovalova E. N., Dolmatova Y. Y., Rakyna, Y. A., Gladir E. A. Characteristics of the allele pool of Bashkir cattle populations according to CSN2 and CSN3 genes. *Achievements of science and technology of the agricultural industry.* 2013. № 3. С. 64–67.

6. Павлова Н. И., Филиппова Н. П. Полиморфизм генов молочных белков у коров холмогорской породы в условиях Республики Саха (Якутия). *Потенциал современной науки.* 2015. № 4 (12). С. 66–70.

7. Сафина Н. Ю., Юльметьева Ю. Р., Шакиров Ш. К. Влияние комплекса полиморфизма генов *κ*-казеина (CSN3) и пролактина (PRL) на молочную продуктивность коров-первотёлок голштинской породы. *Молочнохозяйственный вестник.* 2018. № 1 (29). С. 74–82.

8. Volkandari S. D., Indriawati I., Margawati E. T. Genetic polymorphism of kappa-casein gene in Friesian Holstein: a basic selection of dairy cattle superiority. *Journal of the Indonesian Tropical Animal Agriculture.* 2017. Vol. 42. No 4. P 213-219. <https://doi.org/10.14710/jitaa.42.4.213-219>.



9. Miluchová M., Gábor M., Candrák J., Trakovická A. and Candráková K. Association of *HindIII*-polymorphism in kappa-casein gene with milk, fat and protein yield in holstein cattle. *Acta Biochimica Polonica*. 2018. Vol. 65, No 3. P. 403–407. https://doi.org/10.18388/abp.2017_2313.

10. Подречнева И. Ю., Щеголев П. О. Белокуров С. Г. Аллельный полиморфизм генов *CSN3* и *CSN2* у быков-производителей молочных пород. *Международный научно-исследовательский журнал*. 2020. № 5 (95). Ч. 1. P. С.109–113. <https://doi.org/10.23670/IRJ.2020.95.5.019>.

11. Хаертдинов Р. А., Камалдинов И. Н., Исламов Р. Р. Генетическая структура по белкам молока, у мясных пород скота, разводимых в условиях Республики Татарстан. *Ученые записки Казанской ГАВМ*. 2014. Т. 219. С. 319–324.

12. Трофименко О. Л., Гиль М. И., Сметана О. Ю. Генетика популяций: підручник / за ред. професора М. І. Гиль. Миколаїв: Гельветика, 2018. 254 с.

13. Копилов К. В., Метлицька О. І., Мохначова Н. Б., Супрович Т. М. Молекулярно-генетичний моніторинг у системі збереження генетичних ресурсів тварин. *Вісник аграрної науки*. 2016. Т. 94, № 6. С. 43–47. <https://doi.org/10.31073/agrovisnyk201606-09>.

14. Rossoha V. I., Shkavro N. N., Drobyazko O. V. Growth hormone and kappa-casein gene polymorphism study of the Charolais Cattle Breed. *Конкурентоспособность и качество животноводческой продукции: материалы XXI Международной научно-практической конференции г. Жодино, РУП "Научно-практический центр НАН Беларуси по животноводству"*. 18-19 сентября 2014 г. Жодино, 2014. С. 146–153.

15. Лакин Г. Ф. Биометрия. Москва: Высшая школа, 1990. 352 с.

16. Ozdemir M., Kopuzlu S., Topal M., Bilgin O.C. Relationships between milk protein polymorphisms and production traits in cattle: a systematic review and meta-analysis. *Arch. Anim. Breed.* 2018. V. 61. P. 197–206. <https://doi.org/10.5194/aab-61-197-2018>

17. Neamt R.I., Saplacan G., Acatincai S., Csiszter L.T., Gavojdian D., Ilie D. E. The influence of *CSN3* and *LGB* polymorphisms on milk production and chemical composition in Romanian Simmental cattle. *Acta Biochimica Polonica*. 2016. V. 64. № 3. P. 493–497. https://doi.org/10.18388/abp.2016_1454.

References

1. Yukalo, V. G. (2021). *Biolozhichna aktyvnist proteiniv i peptydiv moloka: monohrafiia* [Biological activity of milk proteins and peptides: monograph]. Ternopil: named after Ivan Puliui, 372 [in Ukrainian].

2. Khaertdynov, R. A., Afanasev, M. P., & Khaertdynov, R. R. (2009). *Belki moloka* [Milk proteins]. Kazan, Ydel-Press, 256. [in Russian].

3. Martin, P., Bianchi, L., Cebo, C., & Miranda, G. (2013). Genetic polymorphism of milk proteins: Quantitative variability and molecular diversity. *Advanced dairy chemistry*. 387–429. <https://doi.org/10.1007/978-1-4614-4714-6>.

4. Dolmatova, Y. Y., & Valytov, F. R. (2015). Ocenka geneticheskogo potenciala krupnogo rogatogo skota po markernym genam [Evaluation of genetic efficiency of cattle by markers]. *Bulletin of the Bashkir University*. 20(3). 850–852. [in Russian].

5. Kostyunyna, O. V., Konovalova, E. N., Dolmatova, Y. Y., Rakyna, Y. A., & Gladir E. A. (2013). Characteristics of the allele pool of Bashkir cattle populations according to *CSN2* and *CSN3* genes. Achievements of science and technology in the agricultural industry. *Achievements of science and technology*. 23. 64–67.



6. Pavlova, N. I., & Filippova, N. P. (2015). Polimorfizm genov molochnyh belkov u korov holmogorskoj porody v uslovijah Respubliki Saha (Jakutija) [Polymorphism of milk protein genes in cows of the Kholmogory breed under the conditions of the Republic of Sakha]. *The potential of modern science*. Vol. 4(12). P. 66–70. [in Russian].
7. Safina, N. Y., Yulmetyeva, Y. R., & Shakirov, S. K. (2018). Vlijanie kompleksa polimorfizma genov k-kazeina (CSN3) i prolaktina (PRL) na molochnuju produktivnost' korov-pervotjolak golstinskoj porody [Effect of the k-casein (CSN3) and prolactin (PRL) gene polymorphism complex on the milk productivity of first-calf Holstein cows]. *Dairy Bulletin*. 1(29). 74–82. [in Russian].
8. Volkandari, S. D., Indriawati, I., & Margawati, E. T. (2017). Genetic polymorphism of kappa-casein gene in Friesian Holstein: a basic selection of dairy cattle superiority. *Journal of the Indonesian Tropical Animal Agriculture*. 42(4). 213–219. <https://doi.org/10.14710/jitaa.42.4.213-219>.
9. Miluchová, M., Gábor, M., Candrák, J., Trakovická, A., & Candráková, K. (2018). Association of *HindIII*-polymorphism in kappa-casein gene with milk, fat and protein yield in Holstein cattle. *Acta Biochimica Polonica*. 65(3). 403–407.
10. Podrechneva, Y. Y., Shhegolev, P. O., & Belokurov, S. G. (2020). Allel'nyj polimorfizm genov CSN3 i CSN2 u bykov-proizvoditelej molochnyh porod [Allelic polymorphism of the CSN3 and CSN2 genes in dairy bulls]. *International research journal*. 5(95). 109–113. <https://doi.org/10.23670/IRJ.2020.95.5.019>. [in Russian].
11. Khaertdinov, R. A., Kamaldinov, I. N., & Islamov, R. R. (2014). Geneticheskaja struktura po belkam moloka, u mjasnyh porod skota, razvodimyh v uslovijah Respubliki Tatarstan [Genetic structure of milk proteins in beef cattle bred in the conditions of the Republic of Tatarstan]. *Scientific notes of the Kazan*. 219. 319–324. [in Russian].
12. Trofymenko, O. L., Gil, M. I. (Ed.), & Smetana, O. Y. (2018). Genetika populacij: pidruchnik [Genetics of populations: a textbook] Mykolaiv. *Helvetica*, 254 [in Ukrainian].
13. Kopylov, K. V., Metlytska, O. I., Mokhnachova, N. B., & Suprovych, T. M. (2016). Molecular genetic monitoring in the system of conservation of genetic resources of animals. *Herald of Agrarian Science*. 94(6). 43–47. <https://doi.org/10.31073/agrovisnyk201606-09>.
14. Rossoha, V. I., Shkavro, N. N., & Drobyazko O. V. (2014). Growth hormone and kappa-casein gene polymorphism study of the Charolais Cattle Breed. *Competitiveness and quality of livestock products: materials of the XXI International Scientific and Practical Conference in Zhodino, RUE "Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus for Animal Husbandry"*. 16. 146–153.
15. Lakin, G. F. (1990). *Biometrija* [Biometry]. Moskow: High education, 352. [in Russian].
16. Ozdemir, M., Kopuzlu, S., Topal, M., & Bilgin, O. C. (2018). Relationships between milk protein polymorphisms and production traits in cattle: a systematic review and meta-analysis. *Animal Breeding*. 61. 197–206. [https://doi.org/10.5194/aab-61-197-\(2018\)](https://doi.org/10.5194/aab-61-197-(2018)).
17. Neamt, R. I., Saplacan, G., Acatincai S., Cziszter L. T., Gavojdian D., & Ilie, D. E. (2016). The influence of *CSN3* and *LGB* polymorphisms on milk production and chemical composition in Romanian Simmental cattle. *Acta Biochimica Polonica*. 64(3). 493–497. [https://doi.org/10.18388/abp.\(2016\)_1454](https://doi.org/10.18388/abp.(2016)_1454).



ASSESSING OF KAPPA-CASEIN POLYMORPHISM IN UKRAINIAN CHAROLAIS CATTLE AND ITS ASSOCIATIONS WITH PRODUCTIVITY TRAITS

Rossoha V. I., Boyko O. A., Oliinychenko Y. K., Institute of animal science NAAS, Kharkiv, Ukraine

Much attention is paid to the study of kappa-casein gene polymorphism in dairy breeds of cattle. Moreover, there is a lack of research on kappa-casein polymorphism in cattle beef breeds. Knowing that different alleles of the kappa-casein gene have different effects on milk yield and milk protein content, it would be important to study the exact allele associations in Ukrainian Charolais cattle. In addition, it would be relevant to find out whether there is an effect of different alleles of the kappa-casein gene on growth parameters in offspring. In addition, the current study would be highly relevant due to no previous research of κ -Cn in Ukrainian Charolais cattle.

The polymorphism of the kappa-casein (κ -Cn) gene was studied in the population of Ukrainian Charolais cattle ($n=29$), "Privilla" agricultural company (Ukraine, Luhansk region) using the PCR-PDRF method. DNA was extracted from blood using the DNA Sorb isolation kit (AmplifySens). Hind III restriction enzyme (FastDigest, Thermo Scientific) was used to see 2 allelic variants of κ -Cn polymorphism, which are A (273 bp) and B (182, 91 bp). The frequency of the A allele was 0.57 ± 0.065 and 0.43 ± 0.065 of the B allele. According to the genotyping results, allele frequency distribution in the population of 2021 did not reliably differ from the population of 2012. As a result, allele frequencies of the kappa-casein gene in 2012 for allele A was 0.61 ± 0.054 and for B 0.39 ± 0.054 . This indicates the lack of selection pressure on population dynamics such as selective selection and gene drift over a period of 10 years.

The frequency of AA genotypes was equal to 0.31, of BB genotype to 0.17 and of AB to 0.52. It was found that the theoretically expected number of genotypes, calculated according to the Hardy-Weinberg principle, did not reliably differ from the actual number. It could be related to current alleles being within an equilibrium state.

In cattle with different genotypes of the κ -Cn gene, the values of the liveweight gain (kg) and the average daily gain (g) were calculated. In cattle with the BB genotype, there was an increase in the weight gain of their calves at weaning at 210 days (206.0 ± 5.65 kg). In addition, the average daily gain of calves was 981.0 ± 26.94 g, compared to genotypes AA (201.4 ± 8.08 kg and 958.9 ± 37.85 g, respectively) and AB – (196.8 ± 2.45 kg and 936.9 ± 11.73 g, respectively). Though, there were no significant differences between AA, BB and AB genotypes considering the studied parameters.

Keywords: gene, kappa-casein, cattle, Charolais, polymorphism, meat productivity.