



внутріпородній основі, для з'ясування того, які саме алелі будуть визначатися, як бажані при маркерній селекції гібридних свиней. Маркерна селекція є ефективним інструментом в оцінці відгодівельних якостей для галузі свинарства – сучасних комерційних ліній свиней. Тому нами було прийнято рішення провести типування експериментального стада гібридних свинок. Поліморфізм досліджуваних генів *MC4R* (с.1426 A>G), *CTSD* (г.70 G>A) та *RYR1* (г.1843 C>T), визначали методом ПЛР-ПДРФ аналізу. Таким чином, встановлено породний характер розподілу частот зустрічальності алелей досліджуваних SNPs.

**Ключові слова:** гібридні свинки, (велика біла × ландрас) × Махgro, нативний, імунологічно кастровані, SNP, *MC4R* (с.1426 A>G), *RYR1* (г.1843 C>T), *CTSD* (г.70 G>A), ПЛР-ПДРФ аналіз, ADG, AGE100

УДК 636.1.082.26:575

DOI 10.32900/2312-8402-2022-127-42-49

## GENETIC ANALYSIS OF LOCAL UKRAINIAN HORSE BREEDS BY POLYMORPHISMS IN LY49B, EDNRB AND CSN3 GENES

**Rossokha V.**, ph. d., sen. research.,

<https://orcid.org/0000-0002-0978-9349>

**Boyko O.**, ph. d., sen. research.,

<https://orcid.org/0000-0003-3065-0461>

**Tur G.**, ph. d., sen. research.,

**Zaderikhina O.**, research., <https://orcid.org/0000-0002-8907-4908>

**Brovko O.**, research.

**Oliinychenko Y.**, ph. d., sen. research.,

<https://orcid.org/0000-0002-1000-0683>

Institute of Animal Science of NAAS

*Marker-Assisted Selection is getting increasing attention in animal breeding as an effective tool for choosing animals with desirable traits. Identification of molecular markers which are related to candidate genes is a promising approach for improving economic traits and has to be evaluated for further gene-trait associations. Single nucleotide polymorphisms are genetic markers that can be associated with production traits. SNP genotyping has to be done additionally for each breed to see if they are polymorphic and have significant associations with certain traits. Among the candidate genes that influence the expression of productive traits, special attention is drawn to LY49B, EDNRB and CSN3 genes. Gene EDNRB is associated with lethal white foal syndrome, LY49B is responsible for induction of immune response and CSN3 gene is responsible for reproduction traits in horses.*

*SNPs LY49B c. 1763 C>T, EDNRB g.118 TC/AG and CSN3 g. 66 A>G have been receiving increasing attention as potential markers which are responsible for developing important selection traits in horses. The study was conducted on Ukrainian Riding Horse, Russian Trotter and Orlov Trotter horse breeds (50 animals for each breed). Genotyping was performed using PCR-RFLP method. EDNRB polymorphism g. 118 TC/AG was polymorphic only in the Ukrainian Riding horse breed. This indicates carriers of the lethal mutation of the White Foal Syndrome (LWFS) only in the mentioned breed. SNP CSN3 g. 66 A>G turned out to be polymorphic (with the predominance of A g. 66 allele) and low-informative (i.e., PIC=0,090-0,122) in Ukrainian Rid-*



ing Horse, Russian Trotter and Orlov Trotter breeds. SNP LY49B c. 1763 C>T turned out to be low-polymorphic (with the predominance of G c.1763 allele) but enough informative (i.e., PIC=0,212-0,365) in Ukrainian Riding Horse, Russian Trotter and Orlov Trotter breeds. Consequently, it is highly prospective to create experimental groups for studied horse breeds to identifying possible associations only for SNP CSN3 g. 66 A>G.

Keywords: **SNP, LY49B, EDNRB, CSN3, horse, Ukrainian Riding Horse, Russian Trotter, Orlov Trotter.**

It is believed that the domestication of horses has made a turning point in human history (i.e., approximately 5,000 years ago) [9]. Within the past centuries, horse breeding has focused more on preserving and improving traits related to aesthetics and performance. Consequently, most horse breeds today are closed populations with high phenotypic and genetic uniformity of individuals within the breed. Therefore, the study of certain genetical markers can lead to identifying the genotypes which are specific for the horse breed and have significant associations within the breed [8, 17].

Marker development in molecular genetics has made a fundamental impact on all livestock sectors and has been implemented in animal breeding. Marker-Assisted Selection (MAS) is based on selecting animals with certain genotypes and has become an important and widely used tool. The scientists choose the traits of interest which are associated with certain genotypes of chosen genes in studied breeds. MAS is used as indirect selection criteria and let increase the selection efficiency [1, 12, 13]. For MAS selection it is necessary to pick the candidate genes and single nucleotide polymorphisms (SNPs). SNPs can change the encoded amino acids, promoter activity, messenger RNA stability, etc. Such changes in the functionality of the gene or product confirmation may lead to product instability, conformation changes and change in composition [18]. Therefore, identification of numerous variations in genes and analysis of their effects may lead to a better understanding of SNP impact on gene functioning [2, 14].

LY49B, EDNRB and CSN3 genes were identified to take part in key important metabolic processes. The killer cell lectin-like receptor gene (LY49B) is located in the sixth chromosome and consists of 7 exons. It encodes the synthesis of C-type lectin receptors (CLRs). CLRs are crucial for inducing immune responses to pathogens [7]. SNPs in LY49B gene can affect the functioning of CLRs in terms of infection or general susceptibility of the organism [20]. SNP LY49B c.11763 C>T (rs1139567427) is located in 3' downstream region, which is highly conserved in all members of the LY49 gene family. This region may be important for mRNA stability and translation into a functional protein [3, 22].

The endothelin receptor type B gene (EDNRB) is located in the 17th chromosome and has 9 exons. It is a protein-coding gene that expresses the synthesis of endothelin receptor type B. The receptors mediate its action by association with G proteins that activate a phosphatidylinositol-calcium second messenger system. In horses, the mutation EDNRB g.118 TC/AG leads to ileocolonic aganglionosis (ICA) or lethal white foal syndrome (LWFS) [3, 15]. Horses with the disease typically have white coats and may have certain defects of eyesight (iris depigmentation). The white coat develops due to an absence of skin melanocytes, and intestinal obstruction is due to the absence of enteric nerve cells. The genetic defect responsible for LWFS is a mutation in one dinucleotide (TC/AG) that changes the amino acid isoleucine to lysine in codon 118 [2, 5, 18]. CSN3 gene is located in the 3d chromosome and consists of 5 exons. It codes the synthesis of kappa casein which is responsible for stabilizing micelle formation in milk



[4, 7, 6]. *K-CN* differs from other caseins in its solubility over a broad range of calcium ion concentrations and contains a hydrophilic C-terminal region.

It is important to evaluate the horse breeds not only by phenotypical traits and also implement genetic evaluation of certain polymorphisms (SNPs). Once SNPs targeted by selection are detected, the variants and processes that have contributed to desired phenotypes within breeds and across performance groups can be more readily identified.

**The aim** was to develop genetic markers from chosen candidate genes (i.e., *LY49B*, *EDNRB* and *CSN3*) and to evaluate the genetic structure of Ukrainian Riding Horse, Russian Trotter, Orlov Trotter local horse breeds.

**Materials and methods.** The study was conducted on 150 animals of Ukrainian Riding Horse, Russian Trotter, Orlov Trotter local horse breeds (i.e., 50 animals for each group). Genomic DNA was isolated from blood by the sorbent method using Chelex 100 reagent [16]. For genotyping of SNPs *EDNRB* g.118 *TC/AG* and *CSN3* g. 66 *A>G*, the PCR-RFLP method was used (Table 1). PCR was performed in 25  $\mu$ L of the reaction mixture containing: 1  $\times$  Taq buffer with KCl, 10–100 ng of genomic DNA, 20 pm forward and reverse primers, 2.5 mM MgCl<sub>2</sub>, 0.25 mM each of dNTPs, and 1 unit of recombinant Taq DNA polymerase (Thermo Fisher Scientific, United States). The structure of primers for PCR amplification, reaction conditions, restriction endonuclease, and PCR-RFLP patterns are presented in Table 1. PCR products were separated using 2 % agarose gel-electrophoresis in 1  $\times$  Tris-borate electrode buffer (TBE) for 2h at the current of 50 mA in the electrophoretic chamber.

DNA of plasmid pUC19, hydrolyzed by endonuclease *Msp I* (Thermo Fisher Scientific), was used as a marker of molecular mass. After electrophoresis, the gel was stained with the solution of ethidium bromide (10 mg/cc) and the electrophoresis results were documented with the digital camera using the transilluminator.

Table 1

**PCR primers, PRC-RFLP patterns of different alleles of *LY49B*, *EDNRB* and *CSN3* genes in Ukrainian local horse breeds**

Gene/ DNA marker	Primer structure (5' $\rightarrow$ 3')/ the size of amplification fragment	Restriction enzyme, the size of the fragments after restriction
<i>LY49B</i> c.1763 C>T	F CCAAACCCAGAGGCTATTGA R TGGAAAGCAGTTTCCCATCT	<i>SAU96I</i> GG 151 AA 151/119/ 31 AG 119/31 GG
<i>EDNRB</i> g.118 TC/AG	F1: CCTAGTGTTCTGTGCTGGGCATCGTC F2: GTACATCAACACAGT AGTGTCTGAATAGTGTTCTGTGCTGGGCATGAA G R: CCAGCAGCTTGTAGACATTGATGGGGAT	181/ 157 TC/AG 181 AG 157 TC
<i>CSN3</i> g.66 A>G	F:ATGACAACTCTATTTTCGCCCT R: TTTGCAGGTCAGG TCTTGCT	<i>PSTI</i> 189/ 48 GG 237 AA 237/ 189/ 48 AG



Allele frequencies, genotype frequencies, polymorphic information content (PIC), and levels of heterozygosity (observed heterozygosity,  $H_o$  and expected heterozygosity,  $H_e$ ) were calculated with GenAEx 6.0. software [11]. Analysis of associations between genotypes and meat quality characteristics were conducted by one-way ANOVA.

**Research results and discussions.** Dinucleotide mutation *EDNRB* g. 118 (*TC/AG*) which is located in the endothelin receptor B gene (*EDNRB*) leads to *LWFS* syndrome which is lethal in case of homozygote *TC/TC*. If the animal has *TC/AG* genotype it leads to Overo horses; they are characterized by white coloration on the abdomen that can extend to dorsal midline. The mutation is lethal in case of homozygote as it impacts the development, proliferation, and migration of embryonic neural crest cells that are the precursors of melanocytes. As a result, the new-born foals have gastrointestinal disfunction, myenteric aganglionosis and fatal functional intestinal obstruction which leads to death in a week after birth.

In the Ukrainian Riding Horse breed, there were identified a number of heterozygotes (i.e., g. 118 *TC/AG*) (Table 2) which identifies the possible risks for breeding that can lead to *EDNRB* g. 118 *TC/TC* lethal genotype. Whilst in the other two populations of Ukrainian local breeds mutation *EDNRB* g. 118 was not segregating. Further monitoring can identify animals with *EDNRB* g. 118 *TC/AG* and can be very informative in terms of preventing risks. Additionally, it is necessary to take DNA samples from dead white albino horse foals (i.e., if there are any) in order to see if the cause of death was *EDNRB* g. 118 *TC/TC* mutation.

Table 2

**Genotypes, allele frequencies and heterozygosity for *EDNRB* g. 118 *TC/AG* in horse breeds**

Breed	n	Genotype frequency $H_o / H_e$			$\chi^2$	PIC
		<i>TT</i>	<i>TC</i>	<i>CC</i>		
Ukrainian Riding Horse	50 46/4/-	0,920 /0,920	0,080 /0,078	0,000 /0,002	0,087	0,074
Russian Trotter	50 (50/-/-)	1,000	0,000	0,000	-	-
Orlov Trotter	50 (50/-/-)	1,000	0,000	0,000	-	-

Notes. *n* — number of animals;  $H_o$  — observed heterozygosity;  $H_e$  — expected heterozygosity; PIC — polymorphic information content;  $\chi^2$  — the value of the criterion  $\chi^2$  for the estimation of the probability of deviation of the distribution of genotypes from the equilibrium calculated using the Hardy-Weinberg formula.

The SNP *CSN3* g.66 *A>G* (Table 3.) was low polymorphic when *G* g.66 was a minor allele in Ukrainian Riding Horse and Orlov Trotter horse breeds. The values of  $\chi^2$  and PIC do not indicate selection pressures for selected mutations. SNP g.66 *A>G* was not polymorphic in the Russian Trotter breed. It indicates the low research prospects for genotyping for *CSN3* g.66 *A>G*.



Table 3

**Genotypes, allele frequencies and heterozygosity for CSN3 g.66 A>G in Ukrainian Large White pig breed**

Breed	n	Allele frequency		Genotype frequency Ho/ He			$\chi^2$	PIC
		A	G	AA	AG	GG		
Ukrainian Riding Horse	50 43/7/0	0,93	0,07	0,860 0,864	0,140 0,132	0,00 0,004	0,241	0,122
Orlov Trotter	50 45/5/0	0,95	0,05	0,90 0,903	0,10 0,095	0,00 0,002	0,110	0,090
Russian Trotter	50 (50/-/-)	1,000	0,000	1,000	0,000	0,000	-	-

Notes. n — number of animals; Ho — observed heterozygosity; He — expected heterozygosity; PIC — polymorphic information content;  $\chi^2$  — the value of the criterion  $\chi^2$  for the estimation of the probability of deviation of the distribution of genotypes from the equilibrium calculated using the Hardy-Weinberg formula.

Polymorphism SNP LY49B c.1763 C>T (Table 4.) was low polymorphic in Ukrainian Riding Horse, Russian Trotter and Orlov Trotter with a predominance of allele G. The value of the index of information content (PIC) varies between 0.212-0.365, which indicates the high prospects for further associative research. Regarding the distribution of genotypes, the breeds did not have a statistically confirmed deviation from the expected balance calculated by the Hardy-Weinberg formula ( $\chi^2$ ) which indicates a low selection pressure of the current SNP.

Table 4

**Genotypes, allele frequencies and heterozygosity for LY49B c. 1763 C>T in horse breeds**

Breed	n	Allele frequency		Genotype frequency Ho/ He			$\chi^2$	PIC
		G	C	GG	GC	CC		
Ukrainian Riding Horse	50 39/11/3	0,89	0,11	0,78 0,792	0,22 0,196	0,00 (0) 0,012	0,688	0,365
Russian Trotter	50 37/9/4	0,83	0,17	0,740 0,742	0,180 0,250	0,08 0,018	0,129	0,212
Orlov Trotter	50 40/3/6	0,83	0,17	0,800 0,821	0,06 0,09	0,14 0,089	0,149	0,235

Notes. n — number of animals; Ho — observed heterozygosity; He — expected heterozygosity; PIC — polymorphic information content;  $\chi^2$  — the value of the criterion  $\chi^2$  for the estimation of the probability of deviation of the distribution of genotypes from the equilibrium calculated using the Hardy-Weinberg formula.

**Conclusions:**

1. SNP EDNRB g. 118 TC/AG was polymorphic only in the Ukrainian Riding horse breed. This indicates carriers of the lethal mutation of the White Foal Syndrome (LWFS) and actualizes the genotyping of the Ukrainian Riding horse breed for the presence of the EDNRB g. 118 TC/AG mutation.

2. SNP CSN3 g. 66 A> G turned out to be polymorphic (with the predominance



of A g. 66 allele) and low-informative (i.e., according to the value of PIC index) in Ukrainian Riding Horse, Russian Trotter and Orlov Trotter breeds. Therefore, it is not perspective making reference groups for the studied breeds for further associative research.

3. SNP *LY49B* c. 1763 C> T turned out to be low-polymorphic (with the predominance of G c.1763 allele) but enough informative (e.g., had high PIC values) in Ukrainian Riding Horse, Russian Trotter and Orlov Trotter breeds. Consequently, the creation of experimental groups for the studied breeds has potential and might lead to identifying possible associations of *LY49B* c. 1763 C> T genotypes with traits.

### References

1. Ashraf, M., Shabala, S., & Cuin, T. A. (2012). Marker-Assisted Selection in Plant Breeding for Salinity Tolerance. *Plant Salt Tolerance*, 15, 305–333. doi: 10.1007/978-1-61779-986-0\_21.
2. Ayala-Valdovinos, M. A. (2016). New test for endothelin receptor type B (EDNRB) mutation genotyping in horses. *Molecular and Cellular Probes*, 30, 182–184. doi: 10.1016/j.mcp.2016.03.005.
3. Bondurand, N., Dufour, S., & Pingault, V. (2018). News from the endothelin-3/EDNRB signaling pathway: Role during enteric nervous system development and involvement in neural crest-associated disorders. *Developmental Biology*, 444, 156–169. doi: 10.1016/j.ydbio.2018.08.014.
4. Geijtenbeek, T. B., & Gringhuis, S. I. (2009). Signalling through C-type lectin receptors: shaping immune responses. *Nature Reviews Immunology*, 9, 465–479. doi: 10.1038/nri2569.
5. Gianino, G. M. (2019). Prevalence of the E321G *MYH1* variant for immune-mediated myositis and nonexertional rhabdomyolysis in performance subgroups of American Quarter Horses. *Journal of Veterinary Internal Medicine*, 33, 897–901. doi: 10.1111/jvim.15393.
6. Gómez, M. D. (2020). Phenotypic and genetic analysis of reproductive traits in horse populations with different breeding purposes. *Animal*, 14, 1351–1361. doi: 10.1017/S1751731120000087.
7. Hobor, S., Kunej, T., & Dovc, P. (2008). Polymorphisms in the *kappa casein* (*CSN3*) gene in horse and comparative analysis of its promoter and coding region. *Animal Genetics*, 39, 520–530. doi: 10.1111/j.1365-2052.2008.01764.x.
8. Leroy, G., Callède, L., & Verrier, E. (2009). Genetic diversity of a large set of horse breeds raised in France assessed by microsatellite polymorphism. *Genetics Selection Evolution*, 41, 5–18. doi: 10.1186/1297-9686-41-5.
9. Librado, P. (2021). The origins and spread of domestic horses from the Western Eurasian steppes. *Nature*, 598, 634–640. doi: 10.1038/s41586-021-04018-9.
10. Lindenwald, D. L., & Lepenies, B. (2020). C-Type Lectins in Veterinary Species: Recent Advancements and Applications, *International Journal of Molecular Sciences*, 21, 51–72. doi: 10.3390/ijms21145122.
11. Peakall, R., & Smouse, P. E. (2006). Genalex 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*, 6, 288–295. doi: 10.1111/j.1471-8286.2005.01155.x.
12. Petersen, J. L. (2013). Genome-Wide Analysis Reveals Selection for Important Traits in Domestic Horse Breeds. *PLoS Genetics*, 9, 100–112. doi: 10.1371/journal.pgen.1003211.
13. Raina, V. S. (2020). Marker-assisted selection vis-à-vis bull fertility: coming full circle—a review. *Molecular Biology Reports*, 47, 9123–9133. doi:



10.1007/s11033-020-05919-0.

14. Robert, F. & Pelletier, J. (2018). Exploring the Impact of Single-Nucleotide Polymorphisms on Translation. *Frontiers in Genetics*, 9, 507. doi: 10.3389/fgene.2018.00507.

15. Santschi, E. M. (1998). Endothelin receptor B polymorphism associated with lethal white foal syndrome in horses. *Mammalian Genome*, 9, 306–309. doi: 10.1007/s003359900754.

16. Selvaggi, M., Pesce Delfino, A.R. & Dario, C. (2010). Exon 1 Polymorphisms in the Equine CSN3 Gene: SNPs Distribution Analysis in Murgesse Horse Breed. *Animal Biotechnology*, 21, 252–256. doi: 10.1080/10495398.2010.509646.

17. Seo, J.-H., Park K., Lee H., & Kong H. (2016). Genetic diversity of Halla horses using microsatellite markers. *Journal of Animal Science and Technology*, 58, 40–51. doi: 10.1186/s40781-016-0120-6.

18. Shastry, B. S. (2009). SNPs: Impact on Gene Function and Phenotype. *Single Nucleotide Polymorphisms*, 14, 3–22. doi: 10.1007/978-1-60327-411-1\_1.

19. Simon, N., Shallat, J., Williams, C., & Harrington, W. (2020). Optimization of Chelex 100 resin-based extraction of genomic DNA from dried blood spots. *Biology Methods and Protocols*, 5, 18–30. doi: 10.1093/biomethods/bpaa009.

20. Takahashi, T., Yawata, M., & Raudsepp, T. (2004). Natural killer cell receptors in the horse: evidence for the existence of multiple transcribed *LY49* genes. *European Journal of Immunology*, 34, 773–784. doi: 10.1002/eji.200324695.

21. Tennah, S., Farnir, F., Kafidi, N., Nsangou, I., Leroy, P., & Antoine-Moussiaux, N. (2014). Selective breeding of Arabian and Thoroughbred racehorses in Algeria: perceptions, objectives and practices of owners-breeders. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 43, 188–196. doi: 10.1590/S1516-35982014000400005.

22. Todd, E. T., Thomson, P., & Hamilton, N. (2020). A genome-wide scan for candidate lethal variants in Thoroughbred horses. *Scientific Reports*, 10, 131–153. doi: 10.1038/s41598-020-68946-8.

#### ГЕНЕТИЧНИЙ АНАЛІЗ УКРАЇНСЬКИХ ЗАВОДСЬКИХ ПОРІД КОНЕЙ ЗА ПОЛІМОРФІЗАМИ ГЕНІВ *LY49B*, *EDNRB* ТА *CSN3*

Россоха В. І., Бойко О. О., Тур Г. М., Задерихіна О. О., Бровко О. В., Олійниченко Є. К., Інститут тваринництва НААН

Маркерна селекція привертає все більшу увагу в селекції як ефективний інструмент для добору тварин із бажаними генотипами. Ідентифікація молекулярних маркерів, які пов'язані з генами-кандидатами, є перспективним підходом для покращення селекційних ознак коней. Однонуклеотидні поліморфізми є генетичними маркерами, які можуть бути пов'язані з виробничими ознаками. Для кожної породи необхідно додатково проводити генотипування за *SNPs*, щоб побачити, чи є вони поліморфними та чи мають значні зв'язки з певними ознаками. Серед генів-кандидатів, які впливають на експресію продуктивних ознак, особливу увагу привертають гени *LY49B*, *EDNRB* та *CSN3*. Ген *EDNRB* асоціюється з синдромом летального білого лоша, *LY49B* відповідає за індукцію імунної відповіді, а ген *CSN3* відповідає за відтворювальні якості коней.

*SNPs LY49B c. 1763 C>T*, *EDNRB g.118 TC/AG* і *CSN3 g. 66 A>G* є потенційними селекційними маркерами, які відповідальні за розвиток важливих селекційних ознак у коней. Дослідження проводилося на породах українська верхова, російська рисиста та орловська рисиста (50 тварин для кожної породи). Генотипування проводили методом ПЛР-ПДРФ. Поліморфізм *EDNRB g. 118 TC/AG* був поліморфним лише в українській верховій породі. Це свідчить про носіїв летальних



льної мутації синдрому білого лоша (*LWFS*) лише в зазначеній породі. SNP *CSN3 g. 66 A>G* виявився поліморфним (з переважанням алеля *A g. 66*) та малоінформативним ( $PIC=0,090-0,122$ ) у породах українська верхова, та орловська рисиста. SNP *LY49B c. 1763 C>T* виявився низькополіморфним (з переважанням алеля *G c.1763*), але достатньо інформативним ( $PIC=0,212-0,365$ ) у породах українська верхова, російська рисиста та орловська рисиста. Отже, створення експериментальних груп для досліджуваних порід коней є перспективним для маркера SNP *CSN3 g. 66 A>G*.

*Ключові слова:* SNP, *LY49B*, *EDNRB*, *CSN3*, українська верхова порода, російська рисиста порода, орловська рисиста порода.

УДК 636.2.082.26

DOI 10.32900/2312-8402-2022-127-49-59

## МОДЕЛЮВАННЯ ФЕНОТИПОВОЇ ПРОДУКТИВНОСТІ КОРІВ ЗАЛЕЖНО ВІД ПАРАТИПОВИХ ЧИННИКІВ

Адмін О. Є., к. с.-г. н., с. н. с., <http://orcid.org/0000-0002-5070-8926>

Адміна Н. Г., к. с.-г. н., <http://orcid.org/0000-0001-5224-2640>

Філіпенко І. Д., асп.

Інститут тваринництва НААН

*Викладено результати регресійного аналізу впливу фенотипових чинників на молочну продуктивність корів та показники якості молока. Вірогідні значення коефіцієнтів регресії другого ступеню для місяця лактації та номеру лактації вказують на нелінійний зв'язок цих показників моделі з добовим надоєм. Додатне значення коефіцієнта регресії для тривалості світлового дня свідчить про позитивний вплив цього показника на добовий надій. Висока денна температура повітря мала негативний вплив на молочність корів. Від'ємне значення коефіцієнту регресії для тривалості світлового дня пов'язане з негативним зв'язком вмісту жиру з добовим надоєм (-0,225). Цим же обумовлено і протилежний напрямок регресійного зв'язку вмісту жиру з місяцем лактації. Від'ємний коефіцієнт для чинника «денна температура» вказує на те що високі критичні температури повітря негативно впливали як на добовий надій так і на вміст жиру в молоці. Від'ємне значення коефіцієнту регресії для тривалості світлового дня пов'язане з негативним зв'язком вмісту білка з добовим надоєм (-0,305). Цим же обумовлено і протилежний напрямок регресійного зв'язку вмісту білка з місяцем лактації. Від'ємний коефіцієнт для денної температури повітря вказує на те, що високі критичні температури повітря негативно впливають як на добовий надій так і на вміст білка в молоці. Відсутність регресійного зв'язку між віком корови та вмістом білка в молоці вказував на більшу генетичну обумовленість цього фенотипового показника. Отримані коефіцієнти регресії вказують на збільшення кількості соматичних клітин в молоці корів залежно від їх віку та місяця лактації. Тривалість світлового дня та нічна температура повітря мали від'ємний зв'язок із кількістю соматичних клітин у добових надоях корів. Висока денна температура повітря сприяла збільшенню вмісту соматичних клітин в молоці.*

**Ключові слова:** регресійна модель, українська чорно- та червоно-ряба молочна порода, паратиповий чинник, добовий надій, вміст соматичних клітин.