

АНАЛІЗ МОЛОЧНОЇ ПРОДУКТИВНОСТІ КОРІВ ПОРІД УКРАЇНСЬКОЇ СЕЛЕКЦІЇ З РІЗНИМИ ГЕНОТИПАМИ ЗА ЛОКУСОМ *IFNGR2*

Іващенко Оксана Юріївна

аспірант кафедри біології тварин

Національний університет біоресурсів і природокористування України, м. Київ, Україна

ORCID: 0000-0003-2663-0046

ivaschenko.oksana28@gmail.com

Ляшенко Юрій Володимирович

кандидат сільськогосподарських наук, старший науковий співробітник,

завідувач лабораторії молекулярно-генетичних і фізіолого-біохімічних досліджень у тваринництві

Інститут тваринництва Національної академії аграрних наук України, м. Харків, Україна

ORCID: 0000-0003-2747-476X

yurij2303@gmail.com

Кулібаба Роман Олександрович

доктор сільськогосподарських наук, старший науковий співробітник,

професор кафедри біології тварин

Національний університет біоресурсів і природокористування України, м. Київ, Україна

ORCID: 0000-0003-1776-7147

romankx37@gmail.com

*Дослідження генетичної мінливості за локусами кількісних ознак та пошук асоціативного зв'язку різних алельних варіантів генів з показниками продуктивності тварин у популяціях корів української селекції має важливе значення для виявлення та збереження потенційно цінних алелів та генотипів у генофонді великої рогатої худоби України, а також їх можливого використання у маркер-асоційованій селекції. Тому метою роботи було проаналізувати параметри продуктивності корів чорно-рябої та червоно-рябої молочних порід з різними генотипами за локусом *IFNGR2* (мутація 1008A>G). Генотипування особин проводили за використання методу PCR-RFLP. Для аналізу молочної продуктивності тварин використовували значення середнього надою за 305 днів лактації (кг), параметри вмісту білка та жиру в молоці (%). Аналіз продуктивності проводили шляхом порівняння показників трьох лактацій для досліджуваних груп тварин. За результатами досліджень встановлено, що для корів української чорно-рябої молочної породи максимальні значення показнику надою за 305 днів для всіх трьох лактацій за локусом *IFNGR2* характерні для особин з гомозиготним генотипом GG. Для корів української червоно-рябої молочної породи домінуючі значення параметра стандартного надою упродовж всіх трьох лактацій спостерігались для гетерозигот AG. У випадку української чорно-рябої породи порівняння параметрів молочної продуктивності проводили для всіх можливих генотипів – AA, AG та GG, у випадку червоно-рябої – лише для двох генотипів AA та AG. Для обох дослідних популяцій корів встановлено вірогідну різницю між значеннями надою між особинами з різними генотипами за локусом *IFNGR2* на другу лактацію. За іншими показниками молочної продуктивності (вміст жиру та білка) упродовж всіх трьох лактацій вірогідних відмінностей між особинами з різними генотипами за локусом *IFNGR2* (1008A>G) для обох дослідних порід корів не виявлено. За значеннями показників вмісту білка в молоці для трьох лактацій дослідні групи тварин характеризувались нормальним розподілом відповідно до критерію Шапіро-Уїлка, що дало можливість використати параметричні критерії для аналізу вірогідності різниці між показниками особин з різними генотипами.*

Ключові слова: поліморфізм, алель, генотип, популяція, продуктивність, корови.

DOI <https://doi.org/10.32845/bsnau.lvst.2022.2.3>

Вступ. У даний час не виникає сумнівів в ефективності застосування технології молекулярно-генетичних маркерів, оскільки за використання MAS (маркер-асоційована селекція), яка є органічним продовженням розвитку цих технологій, з'являється можливість прогнозувати продуктивний потенціал особини одразу після її народження та виявляти генетичні дефекти, що може значно прискорити селекційний процес у тваринництві (Fulton, 2008; Корулов, 2010). У контексті MAS перспективними напрямками дослідження є не лише варіації локусів кількісних ознак, що пов'язані з пара-

метрами продуктивності тварин, але й ідентифікація генів та маркерів, які прямо чи опосередковано пов'язані з адаптаційними якостями, тобто з резистентністю/чутливістю до різних захворювань. Для досягнення цієї мети розробляються та впроваджуються методичні підходи до ідентифікації та аналізу варіативності та інформативності різних маркерних систем, пов'язаних як з господарсько-корисними ознаками, так і безпосередньо з функціями регуляції активності імунної системи, як складової загальної адаптаційної здібності тварин (Macdonald, 2008).

Дослідження генетичної структури популяцій та порід великої рогатої худоби, особливо вітчизняних, таких як українська чорно-ряба та червоно-ряба молочна, з використанням сукупності молекулярно-генетичних маркерів (PCR-RFLP, SNP, Indel, SSR та інших), визначення механізмів формування даної структури та пошук потенційного асоціативного зв'язку виявлених поліморфних локусів з показниками продуктивності в останні роки набувають особливої актуальності.

До одного з перспективних генів-кандидатів, що пов'язаний з продуктивними ознаками корів та чутливістю/стійкістю до інфекційних захворювань, можна віднести ген *IFNGR2*. За результатами численних досліджень встановлено низку алельних варіантів та мутацій у цьому гені, які в різних породах ВРХ асоційовані з певними показниками стійкості тварин до різних інфекційних захворювань. Серед найбільш досліджених – мутація +1008A/G, що розташована у сьомому екзоні гена *IFNGR2* (Bhaladhare et al., 2020; Prakash, 2014).

Слід зазначити, що, за правилом, дослідження *IFNGR2* спрямовані саме на визначення параметрів резистентності/чутливості до низки захворювань ВРХ, при цьому досліджень стосовно асоціацій з показниками продуктивності практично не проведено. Поряд з цим, особливості генетичної структури та асоціації з господарсько-корисними ознаками ВРХ порід саме вітчизняної селекції, на прикладі корів української чорно-рябої та червоно-рябої, фактично не встановлені, що, безумовно, підкреслює актуальність та новизну досліджень у цьому напрямку.

Тому, виходячи зі всього наведеного вище, мета досліджень – провести аналіз продуктивних якостей корів молочних порід української селекції з різними генотипами за локусом *IFNGR2*.

Гени родини гамма-рецепторів інтерферону є важливими кандидатами для дослідження генетичних асоціацій, оскільки вони відіграють особливу роль у регуляції імунної відповіді проти різних збудників, наприклад проти *Mycobacterium spp.*, регулюючи функціонування прозапального цитокіну інтерферон гамма (IFNG) і є перспективними мішенями для дослідження генетичного підґрунтя стійкості до інфекційних захворювань тварин у цілому. Інтерферони (IFNG) – важливі цитокіни, які опосередковують запальну відповідь під час інфекції та відіграють важливу роль в імунній відповіді на вірусну інфекцію, шляхом посилення активності макрофагів і стимуляції адаптивного клітинно-опосередкованого імунітету (Bhaladhare et al., 2020; Schroder et al., 2004).

Згідно з базою даних ensembl.org (ENSBTAT00000066996.1) ген гамма-рецептора інтерферону 2 великої рогатої худоби (*IFNGR2*) містить у своєму складі 7 екзонів і 6 інтронів, загальна довжина ~ 1131 п.н. Кодує білок довжиною ~ 376 а.з. *IFNGR2* локалізований на хромосомі ВТА1 та кодує поліпептид, який задіяний у широкому спектрі імунологічних реакцій (Bhaladhare et al., 2020).

Інтерферон гамма, індукований під час маститу, є канонічним цитокіном Th1, секретованим CD4+ і CD8+ Т-хелперними лімфоцитами, який сприяє клітинно-опосередкованому імунітету шляхом збільшення фагоцитарної та антигенної здатності макрофагів (Bannerman, 2009).

Поліморфізм локусу *IFNGR2* у популяціях корів різних порід та напрямів продуктивності досить мало вивчений. Поліморфізм, що виникає в регуляторних ділянках генів цитокінів, потенційно може змінити чутливість до деяких інфекційних агентів і впливати на перебіг захворювання, що додатково підвищує привабливість цього локусу для досліджень у контексті MAS (Heidari et al., 2013). Зокрема, в роботі Rosenzweig (Rosenzweig et al., 2005), встановлений асоціативний зв'язок між перебігом мікобактеріальних інфекцій та алельними варіантами генів родини *IFN-γRs*. Крім того, варіації (мутантні варіанти) переважно зустрічаються в локусі *IFN-γR1*, ніж в *IFN-γR2*. Авторами продемонстровано, що мутація +874A/T в *IFN-γ* асоційована з параметрами чутливості/резистентності до туберкульозу (ТБ) (Wang et al., 2010). Мутації гена, що кодує *IFN-γR1*, спричиняють надмірну сприйнятливості до мікобактерій та можуть призводити до руйнівних наслідків (Loo et al., 2012).

У дослідженні Bhaladhare зі співавторами (Bhaladhare et al., 2020) встановлено, що поліморфізм rs109049057 *IFNGR2* має достовірний зв'язок ($p < 0,01$) з чутливістю до туберкульозу великої рогатої худоби в контрольній популяції, причому SNP виявився несинонімічним, що свідчить про його функціональну роль в імунній відповіді проти туберкульозу ВРХ (Bhaladhare et al., 2020). Однак, даних про значущий зв'язок поліморфізму генів *IFNGR1* і *IFNGR2* з чутливістю/стійкістю до туберкульозу (bTB) у великої рогатої худоби недостатньо на тлі повідомлень стосовно асоціацій різних мутацій з параметрами резистентності (Hijikata et al., 2012).

У дослідженні Prakash (Prakash et al., 2014), як і в роботі Pant (Pant et al., 2011), у тварин, уражених бруцельозом, сайти SNP в генах *IFNG* (-639 T/C), *IFNG* (+432 G/A) та *IFNGR1* (+132 G/T) не пов'язані з проявом клінічних ознак інфекції у молочної худоби. Результати отримані Prakash також підкреслили важливість цитокінів та їх рецепторів у забезпеченні захисту від бруцельозу та потребують подальшої функціональної характеристики цих асоціацій. Крім того, вченими виявлено незначущі асоціації між SNP генів цитокінів (*IFNG* -639 T/C; *IFNG* +432 G/A; *IFNGR1* +132 G/T; *IFNGR1* +523 A/G), кількістю соматичних клітин та стійкістю лактації (Verschoor et al., 2012).

Матеріали і методи досліджень. Дослідження проведено у лабораторії молекулярно-генетичних і фізіолого-біохімічних досліджень у тваринництві Інституту тваринництва НААН та в лабораторії молекулярно-генетичних досліджень кафедри біології тварин Національного університету біоресурсів і природокористування України.

У якості об'єкту досліджень використовували популяції корів української чорно-рябої та червоно-рябої молочних порід (ДПДГ «Гонтарівка», Харківська область, Вовчанський район). ДНК виділяли з індивідуальних зразків біологічного матеріалу (волосяні

цибулини) за допомогою комерційного набору реагентів «ДНК-Сорб-Б» (Amplisens) згідно з рекомендаціями виробника. Визначення генотипів проводили за використання методу PCR-RFLP (Polymerase Chain Reaction – Restriction Fragment Length Polymorphism), BsiHKA1-поліморфізм. Для проведення аналізу було використано 49 особин чорно-рябої та 53 особини червоно-рябої молочної породи. З метою отримання цільових фрагментів локусу *IFNGR2* використовували олігонуклеотиди АТСТТАГАТGCCCTGGAC та CGACTGAACGACTTTCAC [4, 5]. Концентрація олігонуклеотидів у реакційній суміші становила 0,2 мкМ. Для проведення ампліфікації використовували DreamTaq Green PCR Master Mix (Thermo Fisher Scientific) відповідно до рекомендацій виробника.

Після ампліфікації проводили рестрикційний аналіз. Ампліфікат обробляли ендонуклеазою рестрикції BsiHKA1 згідно з вимогами виробника (Thermo Fisher Scientific). Для розподілу рестрикційних фрагментів проводили електрофорез у 1,5% агарозному гелі з додаванням бромистого етидію.

Для дослідження параметрів молочної продуктивності тварин аналізували значення середнього надою за 305 днів лактації (кг), показники вмісту білка в молоці (%) та жирномолочності (%). Аналіз продуктивності про-

водили шляхом порівняння параметрів перших трьох лактацій для тварин з різними генотипами. Аналіз продуктивних параметрів корів з різними генотипами за локусом *IFNGR2* здійснювали за допомогою однофакторного дисперсійного аналізу (ANOVA) і критерію множинних порівнянь Тьюкі-Крамера в якості інструменту для post-hoc тестування. Розрахунки проведено у Microsoft Excel за використання Real Statistics Resource Pack (<http://www.real-statistics.com/free-download/real-statistics-resource-pack/>). Перевірку розподілу на нормальність здійснювали за критерієм Шапіро-Уїлка. У разі відхилення від нормального вірогідного розподілу, користувалися непараметричним U-критерієм Манна-Уїтні.

Результати досліджень. За локусом *IFNGR2* за результатами індивідуального типування особин тварин дослідної популяції української чорно-рябої молочної породи визначено параметри продуктивності за кожним з наявних генотипів – AA, AG та GG. Результати розрахунків показників молочної продуктивності даних груп тварин протягом трьох лактацій наведено в табл. 1.

За результатами досліджень виявлено, що для всіх трьох лактацій найвищі значення показнику надою характерні для гомозигот з генотипом GG, причому для кожної наступної лактації спостерігалось збільшення надою майже на одну тонну (7480,6 кг та 8150,7 кг на

Таблиця 1

Показники молочної продуктивності корів української чорно-рябої породи з різними генотипами за локусом *IFNGR2*

| Показник | Генотип | | |
|--------------------------|----------------------------|----------------------------|----------------------------|
| | AA | AG | GG |
| Перша лактація | | | |
| Надій, 305 днів, кг | 5379,5±317,63 ^a | 5781,7±255,93 ^a | 6243,4±257,39 ^a |
| <i>C_v</i> , % | 25,7 | 21,68 | 9,22 |
| Жир, 305 днів, % | 4,09±0,059 ^a | 3,98±0,028 ^a | 4,02±0,042 ^a |
| <i>C_v</i> , % | 6,31 | 3,48 | 2,32 |
| Білок, 305 днів, % | 3,36±0,030 ^a | 3,37±0,032 ^a | 3,41±0,056 ^a |
| <i>C_v</i> , % | 3,93 | 4,73 | 3,64 |
| Друга лактація | | | |
| Надій, 305 днів, кг | 5989,7±273,26 ^a | 6857,8±220,28 ^b | 7480,6±356,75 ^b |
| <i>C_v</i> , % | 19,88 | 15,74 | 10,66 |
| Жир, 305 днів, % | 3,98±0,065 ^a | 3,85±0,080 ^a | 4,03±0,083 ^a |
| <i>C_v</i> , % | 7,07 | 10,20 | 4,60 |
| Білок, 305 днів, % | 3,28±0,045 ^a | 3,19±0,056 ^a | 3,34±0,040 ^a |
| <i>C_v</i> , % | 5,95 | 8,59 | 2,71 |
| Третя лактація | | | |
| Надій, 305 днів, кг | 6855,5±466,65 ^a | 6780,3±479,54 ^a | 8150,7±245,17 ^a |
| <i>C_v</i> , % | 24,54 | 30,83 | 6,01 |
| Жир, 305 днів, % | 3,69±0,096 ^a | 3,93±0,075 ^a | 4,09±0,029 ^a |
| <i>C_v</i> , % | 9,40 | 8,35 | 1,40 |
| Білок, 305 днів, % | 3,09±0,079 ^a | 3,21±0,058 ^a | 3,20±0,099 ^a |
| <i>C_v</i> , % | 9,21 | 7,88 | 6,17 |

Примітка: різні індекси (a, b) вказують на вірогідність різниці ($p < 0,05$) у межах показника.

другу і третю лактацію відповідно). У випадку особин з генотипами AA і AG, ситуація аналогічна, для гетерозигот різниця між надоями за 305 днів для першої і другої лактації склала 1076,1 кг, для гомозигот з алелем А для другої та третьої – 865,8 кг. Слід відмітити, що за другу лактацію встановлено достовірність впливу гена *IFNGR2* на величину надою, натомість для першої та третьої відмічено відхилення від нормального характеру розподілу, що призвело до необхідності використання непараметричного критерію для проведення аналізу.

За параметром молочного надою особини з гомозиготним генотипом GG характеризуються вищими значеннями порівняно як з гетерозиготами, так і відносно групи особин з генотипом AA, що робить цей генотип досить привабливим для проведення подальших досліджень з урахуванням більшої кількості тварин із загальної вибірки.

Величина коефіцієнтів варіації свідчить про середній рівень мінливості показника стандартного надою у трьох дослідних груп і знаходиться в доволі широких межах 6,01–30,83%. Слід зауважити, що найбільший показник виявився притаманним для гетерозигот, в той час як для гомозигот GG він був мінімальним для всіх лактацій.

За першу лактацію відсоток жиру в молоці виявився найбільшим у гомозигот за алелем А, а за другу і третю – у гомозигот за алелем G. Найбільший вміст білка протягом усіх трьох періодів характерний тваринам з генотипом GG, причому на третій лактації відсоток практично аналогічний в особин з генотипом AG.

Однак слід зазначити, що за показниками вмісту жиру та білка в молоці дослідні групи тварин чорно-рябої молочної породи не мали вірогідних відмінностей. При цьому, розподіл значень для вмісту білка в молоці корів для всіх трьох лактацій не мав характеру нормального розподілу відповідно до критерію Шапіро-Уїлка, що призвело до використання непараметричного методу Мана-Уїтні для аналізу вірогідності різниці між показниками особин з різними генотипами. За показником вмісту жиру спостерігалася подібна ситуація – розподіл відхилявся від нормального для перших двох лактацій, а для третьої – властивий нормальний розподіл, що дозволило скористатися методом Тьюкі-Крамера.

За дослідженими параметрами вмісту молочного жиру та білка згідно зі значенням коефіцієнту варіації дослідні групи тварин, на відміну від показника надою, характеризуються достатньо низьким рівнем мінливості (значення C_v не перевищує 10,20%).

У випадку з популяцією корів української червоно-рябої молочної породи за дослідним поліморфізмом у локусі *IFNGR2* порівняння параметрів молочної продуктивності проводили лише для двох генотипів AA та AG внаслідок незначної кількості особин з гомозиготним генотипом GG. Визначення параметрів продуктивності особин корів з генотипом GG за даним геном з показниками продуктивності молочної худоби цієї породи виявилось неможливим через малу кількість корів, для яких було отримано дані стосовно молочної продуктивності. Результати розрахунків за зазначеними показниками наведено у табл. 2.

Таблиця 2

Показники молочної продуктивності корів української червоно-рябої породи з різними генотипами за локусом *IFNGR2*

| Показник | Генотип | |
|---------------------|----------------------------|------------------------------|
| | AA | AG |
| Перша лактація | | |
| Надій, 305 днів, кг | 5478,4±211,32a | 5702,1±286,33a |
| C_v ,% | 19,29 | 25,60 |
| Жир, 305 днів,% | 4,11±0,055a | 4,09±0,078a |
| C_v ,% | 6,70 | 9,78 |
| Білок, 305 днів,% | 3,16±0,048a | 3,19±0,039a |
| C_v ,% | 7,62 | 6,25 |
| Друга лактація | | |
| Надій, 305 днів, кг | 5457,8±260,54a | 6261,8±262,71b |
| C_v ,% | 19,68 | 19,23 |
| Жир, 305 днів,% | 4,06±0,073a | 4,19±0,107a |
| C_v ,% | 7,46 | 11,73 |
| Білок, 305 днів,% | 3,15±0,071a | 3,12±0,051a |
| C_v ,% | 9,25 | 7,53 |
| Третя лактація | | |
| Надій, 305 днів, кг | 5822,7±484,43 ^a | 6305,5±466,01 ^a |
| C_v ,% | 20,38 | 22,17 |
| Жир, 305 днів,% | 4,46±0,249 ^a | 4,26±0,148 ^a |
| C_v ,% | 13,65 | 10,43 |
| Білок, 305 днів,% | 3,22±0,049 ^a | 3,21±0,0590,059 ^a |
| C_v ,% | 3,70 | 5,60 |

Примітка: різні індекси (a, b) вказують на вірогідність різниці ($p < 0,05$) у межах показника.

За результатами досліджень з'ясовано, що максимальні значення надоїв характерні тваринам з гетерозиготним генотипом AG для всіх трьох лактацій. Таким же чином, як і в чорно-рябої породи в популяції червоно-рябої спостерігалось зростання значень надою з кожною подальшою лактацією. Зокрема, різниця між першою і другою становила 559,7 кг, між другою і третьою – лише 43,7 кг (для особин із генотипом AG). Варто зауважити, що у даній групі корів кількість особин була обмежена необхідністю використовувати виключно особин перших трьох лактацій, що, безумовно, вплинуло на результати досліджень. Виходячи з одержаних результатів, вірогідної різниці між більшістю показників молочної продуктивності особин з різними генотипами не встановлено (табл. 2). Однак, за значенням параметру надою за 305 днів для другої лактації виявлено, що для корів української червоно-рябої породи з генотипами AA та AG характерна вірогідна різниця за досліджуваним локусом; у той час як для першої та третьої – достовірних відмінностей не встановлено (але наявне превалювання значення надою для особин з гетерозиготним генотипом).

За значенням коефіцієнту варіації вказаний параметр (надій) характеризувався середнім та високим рівнем мінливості (не вище 25,6%), при цьому його варіативність дещо знижується на другу лактацію.

За параметрами вмісту молочного білка та жиру вірогідних відмінностей між особинами з різними генотипами не виявлено. Причому, за значеннями показників вмісту

білка в молоці для трьох лактацій дослідні групи тварин характеризувались нормальним розподілом відповідно до критерію Шапіро-Уїлка, що дало можливість використати параметричні критерії для аналізу вірогідності різниці між показниками особин з різними генотипами. Варіативність ознак (жир та білок) для всіх лактацій знаходилась у межах низького та середнього рівня мінливості (діапазон 3,70–13,65%).

Висновки. За результатами проведених досліджень встановлено, що для корів української чорно-рябої молочної породи за показником надою за 305 днів лактації за локусом *IFNGR2* максимальними значеннями параметру для всіх трьох лактацій характеризуються особини з гомозиготним генотипом GG. Для другої лактації встановлено вірогідні відмінності між значеннями надою для особин з різними генотипами (AA<AG та AA<GG відповідно). За іншими показниками молочної продуктивності (жир, білок) вірогідних відмінностей між особинами з різними генотипами за локусом *IFNGR2* (1008A>G) не виявлено.

Для корів української червоно-рябої молочної породи домінуючі значення показнику надою за 305 днів упродовж всіх трьох лактацій спостерігались для гетерозигот AG. Встановлено вірогідну різницю між значеннями надою між особинами з генотипами AA та AG на другу лактацію. За іншими проаналізованими показниками (жир, білок) упродовж всіх трьох лактацій достовірних відмінностей не встановлено.

Бібліографічні посилання:

1. Bannerman, D. D. (2009). Pathogen-dependent induction of cytokines and other soluble inflammatory mediators during intramammary infection of dairy cows. *J Anim Sci*, issue 87, pp. 10–25.
2. Bhaladhare, A., Chauhan, A., Sonwane, A., Kumar, A., Kumar, P., Kumar, S., Kumar, S., Panigrahi, M. and Bhushan, B. (2020). Association of single nucleotide polymorphisms in IFNGR1 and IFNGR2 genes with bovine tuberculosis. *Indian Journal of Animal Research*, issue 54(1), pp. 36–40.
3. Fulton, J. E. (2008). Molecular genetics in a modern poultry breeding organization. *World's Poultry Science Journal*, issue 2(64), pp. 171–176. DOI: 10.1017/S0043933907001778
4. Heidari, Z., Mahmoudzadeh-Sagheb, H., Rigi-Ladiz, M. A., Taheri, M., Moazenni-Roodi, A. and Hashemi, M. (2013). Association of TGF- β 1 – 509 C/T, 29 C/T and 788 C/T gene polymorphisms with chronic periodontitis: a case-control study. *Gene*, issue 518(2), pp. 330–334.
5. Hijikata, M., Shojima, J., Matsushita, I., Tokunaga, K., Ohashi, J., Hang, N. T., Horie, T. (2012). Association of IFNGR2 gene polymorphisms with pulmonary tuberculosis among the Vietnamese. *Hum Genet*, issue 131(5), pp. 675–82.
6. Kopylov K. V. (2010). Stan ta perspektyvy vykorystannia henotypnoho markuvannia v selektsii tvaryn [Condition and perspective use of genotypic labeling in animals breeding]. *Visnyk Ukrainського tovarystva henetykiv i selektsioneriv*, issue 8(1), pp. 91–98 (in Ukrainian).
7. Loo, W. T. Y., Fan, C. B., Bai, L. J. (2012). Gene polymorphism and protein of human pro- and anti-inflammatory cytokines in Chinese healthy subjects and chronic periodontitis patients. *Journal of Translational Medicine*, issue 10(1), pp. S8. doi: 10.1186/1479-5876-10-S1-S8
8. Macdonald, K. A. (2008). A comparison of three strains of Holstein-Friesian grazed on pasture and managed under different feed allowances. *J. Dairy Sci*, issue 91, pp. 1693–1707.
9. Pant, S. D., Verschoor, C. P., Skelding, A. M., Schenkel, F. S., You, Q., Biggar, G. A., Kelton, D. F., Karrow, N. A. (2011). Bovine IFNGR2, IL12RB1, IL12RB2, and IL23R polymorphisms and MAP infection status. *Mamm Genome*, issue 22, pp. 583–588.
10. Prakash, O., Kumar, A., Sonwane, A. (2014). Polymorphism of cytokine and innate immunity genes associated with bovine brucellosis in cattle. *Mol Biol Rep*, issue 41, pp. 2815–2825. URL: <https://doi.org/10.1007/s11033-014-3136-3>
11. Rosenzweig, S. D., Holland, S. M. (2005). Defects in the interferon- γ and interleukin-12 pathways. *Immunological Reviews*, issue 203(1), pp. 38–47.
12. Schroder, K., Hertzog, P. J., Ravasi, T., Hume, D. A. (2004). Interferon- γ : an overview of signals, mechanisms and functions. *J Leukoc Biol*, issue 75, pp. 163–189. doi: 10.1189/jlb.0603252
13. Verschoor, C. P., Pant, S. D., Biggar, G. A., Schenkel, F. S., Sharma, B. S., Karrow, N. A. (2012). Identification of SNPs in interferon gamma, interleukin-22, and their receptors and associations with health and production-related traits in Canadian Holstein bulls. *Anim Biotechnol*, issue 22, pp. 7–15.

14. Wang, J., Tang, S. and Shen, H. (2010). Association of genetic polymorphisms in the IL12-IFNG pathway with susceptibility to and prognosis of pulmonary tuberculosis in a Chinese population. *European Journal of Clinical Microbiology and Infectious Diseases*, issue 29(10), pp. 1291–1295.

Ivashchenko O. Yu., Postgraduate at the Department of Animal biology, National University of Life and Environmental Sciences of Ukraine, Kyiv, Ukraine

Liashenko Yu. V., Candidate of Agricultural Sciences, Institute of Animal Science, Kharkiv, Ukraine

Kulibaba R. O., Doctor of Agricultural Sciences, Professor at the Department of Animal biology, National University of Life and Environmental Sciences of Ukraine, Kyiv, Ukraine

Milk productivity analysis of Ukrainian selection cattle breeds with different genotypes by IFNGR2 locus

The study of genetic variability by quantitative traits loci and search for the associations of various allelic variants of genes with animal productivity traits in Ukrainian selection cattle breeds are important for identifying and preserving potentially valuable alleles and genotypes in the gene pool of Ukrainian cattle, as well as their possible use in marker-associated selection. Therefore, the aim of the work was to analyze the productive parameters of Ukrainian Black-and-White dairy breed cattle and Red-and-White dairy breed cattle with different genotypes by IFNGR2 locus (1008A>G). Genotyping of individuals was carried out using the PCR-RFLP method. To analyze the milk productivity of animals, were used the values of average milk yield for 305 days of lactation, protein content in milk and milk fat. The analysis of productive qualities was conducted by comparing the parameters of three lactations for each group of animals. By IFNGR2 polymorphism in Ukrainian Black-and-White dairy breed the maximum values of the 305-day milk yield for all three lactations are specific for homozygous individuals GG. In Ukrainian Red-and-White dairy breed cattle, the dominant values of the milk yield during all three lactations are observed for AG heterozygous. In case of Ukrainian Black-and-White dairy breed, the comparison of milk productivity parameters was carried out for all possible genotypes – AA, AG and GG, in case of Red-and-White dairy breed – only for two genotypes AA and AG. There were established significant differences between groups of individuals with different genotypes for the second lactation by the parameter of milk yield in both experimental cattle populations. There were no significant differences between groups of animals with different genotypes by IFNGR2 locus (1008A>G) for both experimental breeds of cows during all three lactations for the parameters of milk protein and fat content. By the values of protein content in milk for three lactations, the experimental groups of animals were characterized by a normal distribution according to the Shapiro-Wilk test, which made it possible to use parametric criteria to analyze significant differences between the parameters of individuals with different genotypes.

Key words: polymorphism, allele, genotype, population, productivity, cattle.