

Ассоциация полиморфизма гена *MBL1* с показателями молочной продуктивности у коров холмогорской породы

© 2026. Н. А. Худякова¹✉, И. С. Кожевникова^{1, 2}, А. О. Ступина¹,
И. А. Классен¹, А. С. Кашин¹

¹ФГБУН Федеральный исследовательский центр комплексного изучения Арктики имени академика Н. П. Лаврова Уральского отделения Российской академии наук, г. Архангельск, Российская Федерация,

²ФГАОУ ВО «Северный (Арктический) федеральный университет имени М. В. Ломоносова», г. Архангельск, Российская Федерация

*Исследование проводили в Архангельской области на выборке, состоящей из 430 коров холмогорской породы. Цель – изучить ассоциации полиморфизма гена маннозосвязывающего лектина (*MBL1*) с показателями молочной продуктивности. Образцы ДНК анализировали методом ПЦР-ПДРФ на носительство аллельных вариантов гена *MBL1* с эндонуклеазой рестрикции *Hae III*: ТТ (255 п.н.); ТС (255/178/77 п.н.); СС (178/77 п.н.). Статистическую обработку проводили с использованием U-критерия Манна-Уитни ($p < 0,05$). Генотипы в выборке распределились следующим образом: СС – 26,98 % (116 гол.), ТС – 50,70 % (218 гол.), ТТ – 22,32 % (96 гол.). Анализ продемонстрировал значительное преимущество коров с генотипом СС по содержанию жира в молоке, составившему 3,75 % для всей популяции. Этот показатель превышал значение для генотипа ТС (3,69 %) на 0,06 % и для генотипа ТТ (3,60 %) – на 0,15 %, что подтверждено статистически достоверными различиями. Полученные результаты обосновывают целесообразность включения анализа полиморфизма гена *MBL1* в программы селекции холмогорского скота с акцентом на использование особей с генотипом СС при формировании племенного ядра. Для комплексного улучшения продуктивных качеств рекомендуется сочетать селекцию по аллелю С с отбором по показателям молочной продуктивности. Перспективным направлением дальнейших исследований представляется изучение взаимосвязи *MBL1* с другими генами, влияющими на молокообразование и резистентность организма, что позволит разработать более эффективные стратегии генетического улучшения стада в условиях северных регионов России. Реализация полученных данных в селекционной практике будет способствовать оптимизации племенной работы и повышению экономической эффективности молочного скотоводства.*

Ключевые слова: массовая доля жира, массовая доля белка, удои, генотип, ПЦР-ПДРФ

Благодарности: работа выполнена при поддержке Минобрнауки РФ в рамках Государственного задания ФГБУН Федеральный исследовательский центр комплексного изучения Арктики имени академика Н. П. Лаврова Уральского отделения Российской академии наук (тема № FUUW-2024-0006).

Авторы благодарят рецензентов за их вклад в экспертную оценку этой работы.

Конфликт интересов: авторы заявили об отсутствии конфликта интересов.

Для цитирования: Худякова Н. А., Кожевникова И. С., Ступина А. О., Классен И. А., Кашин А. С. Ассоциация полиморфизма гена *MBL1* с показателями молочной продуктивности у коров холмогорской породы. Аграрная наука Евро-Северо-Востока. 2026;27(2):425–434. DOI: <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2026.27.2.425-434>

Поступила: 10.07.2025

Принята к публикации: 15.04.2026

Доработана после рецензирования: 10.09.2025

Опубликована онлайн: 27.04.2026

Association of *MBL1* gene polymorphism with milk productivity in Kholmogory breed cows

© 2026. Natalia A. Khudyakova¹✉, Irina S. Kozhevnikova^{1, 2},
Alexandra O. Stupina¹, Inga A. Klassen¹, Andrey S. Kashin¹

¹N. Laverov Federal Center for Integrated Arctic Research of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Arkhangelsk, Russian Federation,

²Northern (Arctic) Federal University named after M. V. Lomonosov, Arkhangelsk, Russian Federation

*The study was conducted in the Arkhangelsk region using a sample of 430 Kholmogory cows. The aim of this study was to investigate associations between polymorphisms in the mannose-binding lectin (*MBL1*) gene and milk productivity traits. The samples of DNA were analyzed using PCR-RFLP method with the *HaeIII* restriction enzyme to identify *MBL1* allelic variants: TT (255 bp), TC (255, 178, and 77 bp), and CC (178 and 77 bp). Statistical analysis was performed using the Mann-Whitney U test ($p < 0.05$). Genotype distribution in the sample was as follows: CC – 26.98 % (116 animals), TC – 50.70 % (218 animals), and TT – 22.32 % (96 animals). The analysis revealed significant superiority of CC genotype cows in milk fat content, averaging 3.75 % for the population. This value was 0.06 % higher than in TC genotype (3.69 %) and 0.15 % higher than in TT genotype (3.60 %), with statistically significant differences confirmed. These results justify incorporating *MBL1**

gene polymorphism analysis into Kholmogory cattle breeding programs, with particular emphasis on selecting CC genotype animals for nucleus herds. To comprehensively improve the production traits, it is recommended to combine selection for the C allele with milk productivity indicators. A promising direction for further research involves studying MBL1 interactions with other genes affecting milk synthesis and disease resistance, which would enable development of more effective genetic improvement strategies for northern Russian regions. Implementation of these findings in breeding practice will optimize herd management and enhance economic efficiency of dairy cattle farming.

Keywords: fat mass fraction, protein mass fraction, milk yield, genotype, PCR-RFLP

Acknowledgements: the research was carried out under the support of the Ministry of Science and Higher Education of the Russian within the state assignment of the N. Laverov Federal Center for Integrated Arctic Research of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences (theme No. FUUW-2024-0006).

The authors thank the reviewers for their contribution to the peer review of this work.

Conflict of interest: the authors stated no conflict of interest.

For citations: Khudyakova N. A., Kozhevnikova I. S., Stupina A. O., Klassen I. A., Kashin A. S. Association of *MBL1* gene polymorphism with milk productivity in Kholmogory breed cows. *Agrarnaya nauka Evro-Severo-Vostoka = Agricultural Science Euro-North-East*. 2026;27(2):425–434. (In Russ.) DOI: <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2026.27.2.425-434>

Received: 10.07.2025

Accepted for publication: 15.04.2026

Revised: 10.09.2025

Published online: 27.04.2026

Молочная продуктивность крупного рогатого скота остается ключевым фактором экономической эффективности животноводства, определяя рентабельность молочных хозяйств и качество конечной продукции. В условиях глобализации рынка и повышения требований к пищевой безопасности современная селекция сталкивается с необходимостью одновременного улучшения как количественных, так и качественных показателей молочной продукции. При этом традиционные методы отбора, ориентированные преимущественно на увеличение удоев, зачастую приводят к непреднамеренному снижению адаптивного потенциала животных и их устойчивости к заболеваниям. В этом контексте особое значение приобретает изучение молекулярно-генетических механизмов, лежащих в основе формирования хозяйственно полезных признаков, с последующим внедрением полученных знаний в практику селекционной работы [1, 2, 3].

Среди перспективных генетических маркеров особый интерес представляет ген маннозосвязывающего лектина (*MBL1*), играющий важную роль в регуляции как иммунных реакций, так и метаболических процессов, связанных с молокообразованием. *MBL1* относится к семейству коллагенозных лектинов – уникальной группе паттерн-распознающих рецепторов (PRR), которые выполняют ключевую роль в системе врожденного иммунитета. Эти белки обладают способностью специфически связываться с углеводными структурами на поверхности патогенных микроорганизмов, запуская каскад защитных реакций. У крупного рогатого скота идентифицировано одиннадцать генов

коллагеновых лектинов, включая гены, кодирующие маннозосвязывающие лектины А и С (*MBL1* и *MBL2*), белки сурфактанта (*SFTPA1* и *SFTPD*), а также различные коллектины и фиколины, каждый из которых обладает уникальными структурно-функциональными особенностями [4].

Ген *MBL1*, локализованный на 28-й хромосоме (BTA28), состоит из четырех экзонов и кодирует белок длиной 249 аминокислот, относящийся к кальций-зависимым коллектинам [5, 6, 7]. Хотя первоначально основная роль *MBL1* рассматривалась исключительно в контексте иммунного ответа [8], современные исследования выявили его участие в регуляции широкого спектра физиологических процессов, включая метаболизм липидов и белков молока [9]. Важно отметить, что экспрессия *MBL1* существенно изменяется в зависимости от физиологического состояния животного. Синтезируемый преимущественно в печени, этот белок демонстрирует повышенную экспрессию в период лактации [10, 11], что позволяет предположить его непосредственное влияние на процессы молокообразования.

Особую актуальность изучение однонуклеотидного полиморфизма (*Single Nucleotide Polymorphism*, SNP 2569_T→C) гена *MBL1* приобретает в контексте современных тенденций селекции молочного скота. Интенсивный отбор по продуктивным признакам, с одной стороны, позволил существенно увеличить удой, но с другой – привел к снижению естественной резистентности животных и сокращению их продуктивного долголетия [12, 13]. В этом аспекте холмогорская порода представляет

особый интерес как пример успешного сочетания высокой молочной продуктивности с выдающейся адаптивностью. Сформированная в суровых условиях Приарктической зоны России эта порода характеризуется не только стабильными удоями, но и повышенной устойчивостью к холодовому стрессу и связанным с ним заболеваниями. Уникальный генетический фонд холмогорского скота делает его перспективной моделью для изучения взаимосвязи между генетическими маркерами и продуктивными качествами.

Проведенные ранее исследования выявили значительную вариабельность аллельных частот гена *MBL1* в различных популяциях крупного рогатого скота, однако данные о его ассоциациях с молочной продуктивностью у холмогорской породы остаются малоизученными. В частности, требуют уточнения вопросы о влиянии конкретных генотипов *MBL1* на качественный состав молока, включая содержание жира и белка.

Цель исследования – изучить ассоциации полиморфизма гена *MBL1* (SNP 2569_T→C) с показателями молочной продуктивности (удой, содержание жира и белка) у коров холмогорской породы. Особое внимание уделялось анализу взаимосвязи генотипических особенностей с качественными характеристиками молока на разных стадиях лактации, что позволит разработать научно обоснованные рекомендации по использованию *MBL1* в качестве молекулярного маркера в селекционной работе.

Научная новизна – впервые получены новые знания об ассоциативной связи генотипов *MBL1* с качественными и количественными характеристиками молока на разных стадиях лактации у современной популяции коров холмогорской породы в АО «Холмогорский племязавод».

Материал и методы. Генетические исследования проводили на базе лаборатории инновационных технологий в АПК ФГБУН Федерального исследовательского центра комплексного изучения Арктики имени академика Н. П. Лаверова Уральского отделения Российской академии наук. В качестве объекта исследования использовали образцы ДНК коров холмогорской породы (n = 430), содержащихся в АО «Холмогорский племязавод» Архангельской области.

Для анализа полиморфизма гена *MBL1* (SNP 2569_T→C) применяли метод полимеразной

цепной реакции с последующим определением длин рестрикционных фрагментов (ПЦР-ПДРФ). Амплификацию целевого фрагмента гена *MBL1* размером 255 пар нуклеотидов (п. н.) проводили с использованием специфических праймеров:

прямого 5'-GTGGTGGCAAATGTTGGCTAAAC-3';
обратного 5'-TGGCTCTCCSTTTTCTCCSTT-3'[14].

ПЦР выполняли на амплификаторе MiniAmp Plus по следующему протоколу: предварительная денатурация при температуре +94 °C в течение 5 мин (1 цикл); 35 циклов амплификации, включающих денатурацию при температуре +94 °C (30 сек), отжиг – при +63,5 °C (30 сек) и элонгацию – при +72 °C (30 сек); финальную элонгацию при температуре +72 °C в течение 8 мин (1 цикл).

Полученные ПЦР-продукты подвергали рестрикции эндонуклеазой *HaeIII* с последующим электрофоретическим разделением в агарозном геле. В результате рестрикционного анализа выявляли три генотипа – *TT* (255 п. н.), *TC* (255/178/77 п. н.) и *CC* (178/77 п. н.) (рис. 1).

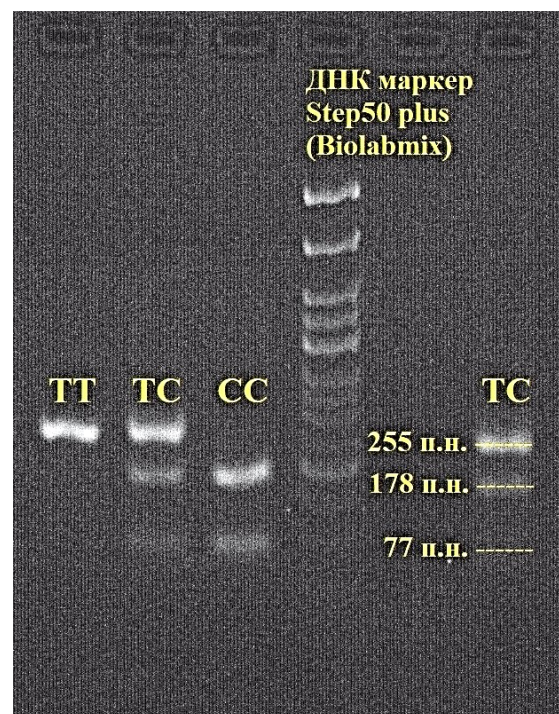


Рис. 1 Электрофореграмма продуктов ПЦР-ПДРФ анализа полиморфизма гена *MBL1* у крупного рогатого скота холмогорской породы: М – маркер молекулярной массы (100 п. н.). На дорожках представлены генотипы: 1 – *TT*, 2 – *TC*, 3 – *CC* /

Fig. 1 Electropherogram of PCR-RFLP analysis products of the *MBL1* gene polymorphism in the Kholmogory breed cattle: M – molecular weight marker (100 b. p). Lanes represent the genotypes: 1 – *TT*, 2 – *TC*, 3 – *CC*

Статистическую обработку цифрового материала проводили методами вариационной статистики. Вследствие отсутствия нормального распределения количественные данные описывали с помощью медианы (Me), нижнего и верхнего квартилей (Q1–Q3). Далее сравнение групп выполняли с помощью U-критерия Манна-Уитни. Различия показателей между

группами считали статистически значимыми при $p < 0,05$.

Результаты и их обсуждение. Для проведения исследований отобрали 430 коров холмогорской породы АО «Холмогорский племязавод», частота встречаемости генетических вариантов по локусу *MBL1* представлена на рисунке 2.

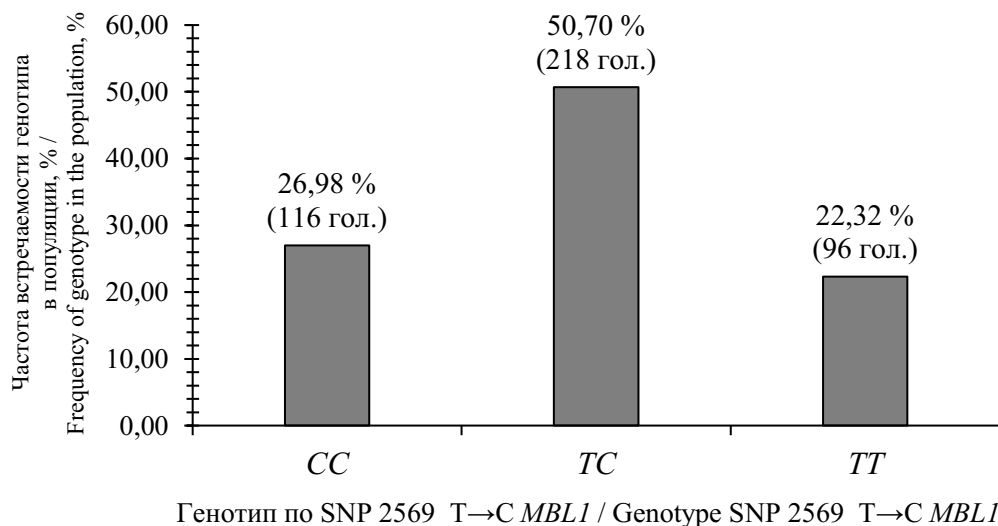


Рис. 2. Частота встречаемости генотипов гена *MBL1* у коров холмогорской породы /
Fig. 2. The frequency of the gene *MBL1* genotypes in the Kholmogory breed cows

В ходе проведенного генетического анализа установлено, что гетерозиготный генотип *TC* демонстрирует наибольшую распространенность в изучаемой популяции. Гомозиготный вариант *CC* был зафиксирован у значительной части особей, тогда как генотип *TT* характеризовался наименьшей частотой встречаемости.

Значение критерия хи-квадрат ($\chi^2 = 0,11$) свидетельствует о соответствии наблюдаемого распределения генотипов ожидаемому по закону Харди-Вайнберга. Это указывает на то, что в исследуемой популяции холмогорского скота, содержащегося в условиях контролируемого воспроизводства, сохраняется генетическое равновесие по изучаемому локусу.

Результаты показателей молочной продуктивности по последней законченной лактации коров холмогорской породы, разделенных на группы с различными генотипами гена лектина, представлены в таблице.

При анализе удоя у коров-первотелок отмечены минимальные различия между генотипами от 6801 до 6956 кг. Следует отметить существенный квартильный размах внутри каждой группы, особенно выраженный у животных с генотипом *TC* (6075–7625 кг), которые

имели наибольший показатель удоя – 6956 кг. По содержанию жира в молоке наблюдается более выраженная дифференциация: максимальный показатель зафиксирован у особей с генотипом *TC* (3,66 %), группа коров с генотипом *TT* показывает минимальное значение (3,41 %). Содержание белка в молоке остается относительно стабильным у всех групп животных (3,28–3,32 %).

У коров по второй лактации средний удой в группе животных с генотипом *CC* составил 7687 кг (межквартильный размах 6336–8371 кг). В группе коров с генотипом *TC* удой был выше на 69 кг – 7756 кг (6707–8603 кг), в группе особей с генотипом *TT* достиг 8047 кг (6700–8390 кг). Содержание жира в молоке варьировало незначительно: в группе животных с генотипом *CC* – 3,61 % (3,38–3,88 %); *TC* – 3,63 % (3,36–4,01 %); с генотипом *TT* – 3,49 % (3,21–3,93 %). Наибольшие различия между группами у коров по второй лактации наблюдали по содержанию белка в молоке. В группе животных с генотипом *CC* этот показатель составил 3,33 % (3,18–3,48 %), с генотипом *TC* статистически значимо ниже – 3,31 % (3,23–3,52 %), с генотипом *TT* – 3,21 % (3,12–3,30 %).

Таблица – Показатели молочной продуктивности по последней законченной лактации коров холмогорской породы с различными генотипами гена *MBL1* /
Table – Milk production indicators for the last completed lactation in Kholmogory cows with different gene *MBL1* genotypes

Генотип / Genotype	Показатель / Indicator	СС	Кол-во, гол. / Number, heads	ТС	Кол-во, гол. / Number, heads	ТТ	Кол-во, гол. / Number, heads
1-я лактация / 1 st lactation	Удой, кг / Yield, kg	6952 (6466–7381)	17	6956 (6075–7625)	45	6801 (6399–7526)	21
	Жир, % / Fat, %	3,58 (3,36–3,92)		3,66 (3,34–3,82)		3,41 (3,30–3,73)	
	Белок, % / Protein, %	3,32 (3,22–3,53)		3,32 (3,18–3,43)		3,28 (3,11–3,38)	
2-я лактация / 2 nd lactation	Удой, кг / Yield, kg	7687 (6336–8371)	28	7756 (6707–8603)	53	8047 (6700–8390)	19
	Жир, % / Fat, %	3,61 (3,38–3,88)		3,63 (3,36–4,01)		3,49 (3,21–3,93)	
	Белок, % / Protein, %	3,33 (3,18–3,48)		3,31 (3,23–3,52)*		3,21 (3,12–3,30)*	
3-я и более лактация / 3 rd and subsequent lactation	Удой, кг / Yield, kg	7260 (6493–8199)	71	7678 (6715–8349)*	120	7112 (6120–7954)*	56
	Жир, % / Fat, %	3,91 (3,46–4,45)*		3,72 (3,46–4,09)		3,75 (3,40–4,04)*	
	Белок, % / Protein, %	3,29 (3,14–3,42)		3,26 (3,15–3,41)		3,27 (3,13–3,40)	
Итого / Total	Удой, кг / Yield, kg	7288 (6458–8148)	116	7467 (6490–8333)	218	7156 (6369–8036)	96
	Жир, % / Fat, %	3,75 (3,43–4,22)*		3,69 (3,41–4,03)		3,60 (3,36–3,93)*	
	Белок, % / Protein, %	3,30 (3,17–3,43)		3,29 (3,16–3,43)		3,26 (3,12–3,38)	

Примечания: * отмечены достоверные различия между группами животных с генотипами *СС*, *ТС* и *ТТ* (значения показателей выделены жирным шрифтом) при $p \leq 0,05$; в скобках указано значение нижнего и верхнего квартилей (Q1–Q3) /

Notes: * significant differences between groups of animals with genotypes *СС*, *ТС* and *ТТ* (the values of the indicators are highlighted in bold), $p \leq 0,05$; the lower and upper quartiles (Q1–Q3) are shown in parentheses

Молочная продуктивность у полновозрастных животных по третьей и более лактациям зафиксирована в интервале от 7112 до 7678 кг молока. В группе коров с генотипом *СС* этот показатель составил 7260 кг (межквартильный размах 6493–8199 кг), в группе животных с генотипом *ТС* удой был достоверно выше – 7678 кг (6715–8349 кг), а с генотипом *ТТ*, напротив, ниже – 7112 кг (6120–7954 кг). По содержанию жира в молоке выявлены значимые различия: в группе коров с генотипом *СС* показатель составил 3,91 % (3,46–4,45 %), что достоверно превышало показатели животных с генотипами *ТС* – 3,72 % (3,46–4,09 %) и *ТТ* – 3,75 % (3,40–4,04 %). По содержанию белка существенных различий между группами не выявлено, значения варьировали в пределах 3,26–3,29 %.

Средний удой за все лактации у коров с генотипом *СС* составил 7288 кг (6458–8148 кг), с генотипом *ТС* – 7467 кг (6490–8333 кг), с генотипом *ТТ* – 7156 кг (6369–8036 кг). Содержание жира в молоке оставалось наиболее высоким в группе коров с генотипом *СС* – 3,75 % (3,43–4,22 %), что достоверно отличалось от групп животных с генотипом *ТС* 3,69 % (3,41–4,03 %) и *ТТ* 3,60 % (3,36–3,93 %). Показатели содержания белка были схожими во всех трех группах, не имели достоверных различий и превышали стандарт породы, составляющий 3,20 %.

В работе Н. С. Ульянова и соавт. изучалась связь полиморфизма гена *MBL1* с молочной продуктивностью у коров чернопестрой породы [15]. Анализ полиморфизма *MBL1* показал следующее распределение генотипов в выборке из 181 коровы: *ТТ* – 20 % (37 гол.), *ТС* – 52 % (93 гол.), *СС* – 28 % (51 гол.).

Частота аллелей для *T* составила 0,461, для *C* – 0,539, что указывает на небольшое преобладание аллеля *C* в популяции. По данным исследования, коровы с гетерозиготным генотипом *TC* показали максимальный удой за 305 дней лактации (3248 кг), превысив средний показатель по выборке (3108,1 кг). Минимальный удой зафиксирован у животных с генотипом *CC* (2882,1 кг). Различия по содержанию жира в молоке были менее выражены: у коров с генотипом *TT* этот показатель составил 3,97 %, что незначительно выше, чем с генотипами *TC* (3,83 %) и *CC* (3,82 %). Содержание белка в молоке между группами существенно не различалось и соответствовало среднему по популяции. Эти результаты подчеркивают ассоциацию гетерозиготного генотипа *TC* с более высокими удоями, что частично перекликается с нашими данными по холмогорской породе, где генотип *TC* также ассоциирован с повышенным удоем (7467 кг в среднем по всем лактациям), хотя в нашей популяции преобладание аллеля *C* менее выражено (частота 0,52 против 0,539), а влияние на жирность молока противоположно – в нашей работе жирность выше у генотипа *CC*.

Л. В. Абдуллина и Г. Р. Юсупова провели анализ полиморфизма гена *MBL1* у 387 первотелок голштинской породы, оценивая его связь с молочной продуктивностью и устойчивостью к маститу [6]. Распределение генотипов было следующим: *CC* – 41,6 % (161 гол.); *TC* – 43,4 % (168 гол.); *TT* – 15,0 % (58 гол.). Частота аллелей для *C* составила 0,63, для *T* – 0,37, что свидетельствует о значительном преобладании аллеля *C*. Гетерозиготный генотип *TC* был наиболее распространенным. Анализ молочной продуктивности показал, что коровы с генотипом *TC* имели наивысший удой (6425 кг), превосходя животных с генотипами *CC* и *TT* на 320 кг и 157 кг соответственно. По содержанию белка в молоке также наблюдали преимущество генотипа *TC* по сравнению с другими генотипами. Коровы с генотипом *CC* демонстрировали более высокое содержание жира в молоке (3,90 %), лидируя по сравнению с другими группами. По выходу молочного белка и жира животные с генотипом *TC* также занимали лидирующие позиции. В сравнении с нашими результатами по холмогорской породе, где удой у *TC* максимален (7467 кг в среднем), отмечено схожее преимущество гетерозигот, однако в голштинской породе преобладание аллеля *C* сильнее (0,63 против 0,52 в нашей

работе), а жирность выше у генотипа *CC*, что совпадает с нашими данными (3,75 %).

В исследовании, проведенном А. Камалдип с соавт. (А. Kamaldeep et al.), рассматривалась частота встречаемости гена *MBL1* у популяции сахивальской породы крупного рогатого скота на выборке из 24 животных [16]. В результате получили следующее распределение генотипов: *CC* составили 37 % (9 гол.); *CT* – 46 % выборки (11 гол.); *TT* встречались с частотой 17 % (4 гол.). Аллельный анализ продемонстрировал преобладание аллеля *C* с частотой встречаемости 0,60. По сравнению с нашими данными по холмогорской породе, где гетерозиготный генотип *TC* также преобладает, но с более сбалансированным соотношением аллелей (0,52 для *C* и 0,48 для *T*), в сахивальской породе аллель *C* доминирует сильнее (0,60), хотя данные о продуктивности не приведены, что не позволяет напрямую сравнить удои, но подтверждает общую тенденцию к равновесию в селекционируемых популяциях.

В работе Дж. М. Киичи с соавт. (J. M. Kiyici et al.) авторы исследовали три однонуклеотидных полиморфизма у коров голштинской породы, в том числе и рассмотренный нами в данной статье [17]. Ученые выявили преобладание генотипа *TC* над остальными: из 166 изученных особей генотип *TC* имели 129, что составило 78 % от общей выборки. Генотип *CC* имели 22 головы (13 %), *TT* – 15 (10 %). Частота встречаемости аллелей *C* и *T* практически одинакова – 58 и 53 % соответственно. Изучая коров голштинской породы, авторы обнаружили достоверно больший процент жира в молоке у особей с генотипом *TT* (3,47 %), наименьшее значение с генотипом *TC* (3,13 %). Животные с генотипом *TT* имели самую высокую массовую долю белка в молоке (3,66 %), с генотипом *CC* – самую низкую (3,40 %). Однако наибольший удой имели коровы с генотипом *CC* – 8897 кг за 305 дней лактации, наименьший удой с генотипом *TT* – 7468 кг. В отличие от наших результатов, где удой максимален у генотипа *TC* (7467 кг), а жирность выше у *CC* (3,75 %), в этой работе преимущество по удою у генотипа *CC*, а по жирности и белку – у *TT*, хотя преобладание гетерозигот *TC* схоже (но сильнее – 78 % против нашей популяции), а соотношение аллелей сбалансировано, как в нашем исследовании.

В исследовании Л. В. Шамсиевой объектом изучения выступали первотелки голштинской породы [18]. Общий объем выборки составил

366 особей. Проведенный анализ полиморфизма изучаемого генетического маркера позволил выявить следующее распределение генотипов в исследуемой популяции: гомозиготный генотип *СС* зарегистрирован у 112 животных, или 30,6 % от общего поголовья; гетерозиготный генотип *ТС* – у 194 особей (53,0 %); гомозиготный генотип *ТТ* – у 60 голов (16,4 %). Полученные данные демонстрируют преобладание гетерозиготного генотипа *ТС* в исследуемой популяции. По сравнению с нашими данными, где гетерозиготы *ТС* также доминируют, распределение генотипов близко (*ТС* ~53 % против нашего преобладающего *ТС*), хотя данные о продуктивности не детализированы, что ограничивает сравнение удоев, но подтверждает общую тенденцию преобладания *ТС* в голштинской породе, с менее сбалансированным соотношением аллелей по сравнению с холмогорской (где *С* и *Т* ближе к 0,5).

Следует отметить, что результаты исследований других пород (черно-пестрой, голштинской, сахивальской) демонстрируют как общие закономерности (преобладание гетерозиготного варианта), так и породные особенности распределения аллелей. В частности, в холмогорской породе наблюдается более сбалансированное соотношение аллелей (частота аллеля *С* – 0,52, аллеля *Т* – 0,48) по сравнению с голштинским скотом, где отмечается выраженное преобладание аллеля *С* (0,63). Полученные данные подтверждают важность учета породной специфики при использовании генетических маркеров в селекционной работе.

Заключение. Молекулярно-генетический анализ поголовья коров холмогорской породы по гену маннозосвязывающего лектина (*MBL1*) выявил преобладание генотипа *ТС* (218 гол.), что составляет 50,70 % от общей выборки.

В ходе исследования установлено статистически значимое превышение содержания жира в молоке у коров с генотипом *СС*. Показатель на 0,06 % превышал значение для группы с генотипом *ТС* (3,69 %) и на 0,15 % – с *ТТ* (3,60 %).

На основании полученных результатов исследования полиморфизма гена *MBL1* у коров холмогорской породы, можно рекомендовать применение гена *MBL1* в программе селекционной работы для целенаправленного формирования высокопродуктивного стада. Полученные данные свидетельствуют о целесообразности использования животных с генотипом *СС* при формировании племенного ядра. Для оптимизации селекционного процесса представляется рациональным комбинировать носителей аллеля *С* с животными, обладающими высокими показателями удоя, что позволит одновременно улучшать как количественные, так и качественные характеристики молочной продуктивности. Особое внимание следует уделить систематическому мониторингу генетической структуры стада, что обеспечит исключение нежелательных сдвигов аллельных частот и поддержание оптимального баланса между продуктивными и адаптивными признаками.

Перспективным направлением дальнейших научных изысканий представляется углубленное изучение эпистатических взаимодействий гена *MBL1* с другими генами-кандидатами, ассоциированными с молочной продуктивностью, а также комплексный анализ его влияния на резистентность животных к распространенным заболеваниям. Внедрение этих результатов в племенной учёт и селекцию повысит эффективность молочного скотоводства в Архангельской области и других регионах со схожими условиями.

Список литературы

1. Амерханов Х. А. Состояние и развитие молочного скотоводства в Российской Федерации. Молочное и мясное скотоводство. 2017;(1):2–5. Режим доступа: <https://elibrary.ru/item.asp?id=28392306> EDN: XXIANR
2. Пестис В. К., Пешко В. В., Епишко О. А., Ситько А. А. Применение ДНК-тестирования крупного рогатого скота по генам *LTF* и *MBL1* для повышения эффективности производства молока. Доклады Национальной академии наук Беларуси. 2022;66(1):122–128. DOI: <https://doi.org/10.29235/1561-8323-2022-66-1-122-128> EDN: FKLKCN
3. Сафина Н. Ю., Зиннатова Ф. Ф., Шакиров Ш. К., Гайнутдинова Э. Р., Фаттахова З. Ф. Полиморфизм гена манноза-связывающего лектина 1 (*MBL1*) в популяции голштинского скота Республики Татарстан. Аграрный научный журнал. 2021;(9):71–74. DOI: <https://doi.org/10.28983/asi.y2021i9pp71-74> EDN: KHDSCKT
4. Fraser R. S., Lumsden J. S., Lillie B. N. Identification of polymorphisms in the bovine collagenous lectins and their association with infectious diseases in cattle. Immunogenetics. 2018;(70):533–546. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00251-018-1061-7>
5. Кулешова Е. А., Бондаренко М. В. Генетическая устойчивость коров к маститу. Животноводство России. 2019;(S1):9–11. DOI: <https://doi.org/10.25701/ZZR.2019.56.43.005> EDN: IJZHNB

6. Абдуллина Л. В., Юсупова Г. Р. Ген манноза-связывающего лектина (MBL), и влияние его полиморфизма на устойчивость коров к маститу. Ученые записки Казанской государственной академии ветеринарной медицины имени Н. Э. Баумана. 2019;238(2):4–8. DOI: <https://doi.org/10.31588/2413-4201-1883-238-2-4-9> EDN: OKVEZT
7. Khan M. Z., Wang J., Ma Y., Chen T., Ma M., Ullah Q. et al. Genetic polymorphisms in immune- and inflammation-associated genes and their association with bovine mastitis resistance/susceptibility. *Frontiers in Immunology*. 2023;14:1082144. DOI: <https://doi.org/10.3389/fimmu.2023.1082144>
8. Aksel E. G., Akçay A., Çelik E. B., Akyüz B. Investigation of the effect for three SNP (1252 G>A, 2534 G>A, 2569 T>C) of MBL-1 gene on subclinical mastitis in Simmental cows. *Journal of the Turkish Veterinary Medical Society*. 2022;93(1):18–27. DOI: <https://doi.org/10.33188/vetheder.987047>
9. Muhasin N. A., Bhushan B., Panigrahi M., Dewangan P. Association study of genetic variants at single nucleotide polymorphism rs109231409 of mannose-binding lectins 1 gene with mastitis susceptibility in Vrindavani crossbred cattle. *Veterinary World*. 2014;7(10):807–810 DOI: <https://doi.org/10.14202/vetworld.2014.807-810>
10. Кадралиева Б. Т. Влияние различных факторов на уровень соматических клеток в молоке коров. *Аграрный вестник Верхневолжья*. 2016;(4):42–46. Режим доступа: <https://elibrary.ru/item.asp?id=27631495> EDN: XGRDYG
11. Зиннатова Ф. Ф., Алимов А. М., Зиннатов Ф. Ф. Взаимосвязь состояния комплексных генотипов генов CSN3, DGAT1, TG5, PRL, LGB и показатели молочной продуктивности крупного рогатого скота. *Вопросы нормативно-правового регулирования в ветеринарии*. 2014;(2):120–123. Режим доступа: <https://elibrary.ru/item.asp?id=21634266> EDN: SFKZNN
12. Пешко В. В., Пестис В. К., Пестис П. В., Епишко О. А., Ситько А. А., Пешко Н. Н. Использование генов манноза-связывающего лектина (MBL1) и лактоферрина (LTF) в селекции крупного рогатого скота. *Сельское хозяйство – проблемы и перспективы: сб. научн. тр. Гродно: Гродненский ГАУ, 2021. Т. 52. С. 112–124.* Режим доступа: <https://elibrary.ru/item.asp?id=48108774> EDN: ZJPEHN
13. Kamaldeep A., Magotra A., Pander B. L., Dalal D. S., Malik B. S., Garg A. R., Malik A. Evaluation of candidate genotype of immune gene MBL1 associated with udder health and performance traits in dairy cattle and buffalo of India. *Tropical Animal Health and Production*. 2021;53(4):429. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11250-021-02865-2>
14. Aksel E. G., Akçay A., Arslan K., Sohel M. H., Güngör G., Akyüz B. The Effects of MBL1 Gene Polymorphism on Subclinical Mastitis in Holstein Cows. *Journal of the Faculty of Veterinary Medicine of the Caucasian University*. 2021;27(3):389–395. DOI: <https://doi.org/10.9775/kvfd.2021.25714>
15. Ульянов В. А., Гинаятов Н. С., Байменов Б. М., Маликзада К. М., Мендыбаева А. Б. Предпочтительные и нежелательные генотипы генов GH, IGF-1, MBL1 и LTF среди поголовья черно-пестрой породы по признакам молочной продуктивности и качества молока. *Наука и образование*. 2023;(1-1(70)):78–86. DOI: <https://doi.org/10.52578/2305-9397-2023-1-1-78-87> EDN: PBRENR
16. Kamaldeep A., Magotra A., Pander B. L., Malik A., Garg A. R., Dalal D. S., Malik B. S. Association of G.2686T>C mutation of MBL1 gene with reproduction traits in sahiwal cattle. *International Journal of Agricultural Science and Research*. 2017;7(6):159–164. URL: https://www.researchgate.net/publication/373020228_ASSOCIATION_OF_G2686TC_MUTATION_OF_MBL1_GENE_WITH_REPRODUCTION_TRAITS_IN_SAHIWAL_CATTLE
17. Kiyici J. M., Daldaban F., Arslan K., Akyüz B., Kaliber M., Cinar M. U. Effect of Mannose-Binding Lectin (protein A) 1 (MBL1) Gene Polymorphisms on Milk Production Traits and Somatic Cell Count in Holstein Dairy Cattle. *Journal of the Hellenic Veterinary Medical Society*. 2025;76(1):8779–8784. DOI: <https://doi.org/10.12681/jhvms.37676>
18. Шамсиева Л. В. Физико-химические показатели молока при субклиническом мастите коров. Ученые записки Казанской государственной академии ветеринарной медицины им. Н. Э. Баумана. 2017;232(4):159–162. Режим доступа: <https://elibrary.ru/item.asp?id=30693505> EDN: ZVRHYF

References

1. Amerkhanov Kh. A. Status and development of dairy cattle farming in the Russian Federation. *Molochnoye i myasnoye skotovodstvo = Journal of Dairy and Beef Cattle Farming*. 2017;(1):2–5. (In Russ.). URL: <https://elibrary.ru/item.asp?id=28392306>
2. Pestis V. K., Peshko V. V., Epishko O. A., Sitko A. A. Using of DNA-testing of cattle for the LTF and MBL1 genes to increase the milk production efficiency. *Dokladi Natsionalnoy akademii nauk Belarusi*. 2022;66(1):122–128. (In Belarus). DOI: <https://doi.org/10.29235/1561-8323-2022-66-1-122-128>
3. Safina N. Yu., Zinnatova F. F., Shakirov Sh. K., Gaynutdinova E. R., Fattakhova Z. F. Polymorphism of MBL1 gene in holstein cattle of Republic of Tatarstan. *Agrarny nauchny zhurnal = The Agrarian Scientific Journal*. 2021;(9):71–74. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.28983/asj.y2021i9pp71-74>

4. Fraser R. S., Lumsden J. S., Lillie B. N. Identification of polymorphisms in the bovine collagenous lectins and their association with infectious diseases in cattle. *Immunogenetics*. 2018;(70):533–546. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00251-018-1061-7>
5. Kuleshova E. A., Bondarenko M. V. Genetic resistance of cows to mastitis. *Zhivotnovodstvo Rossii*. 2019;(S1):9–11. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.25701/ZZR.2019.56.43.005>
6. Abdullina L. V., Yusupova G. R. Gene mannose binding lectin (MBL) and its influence of polymorphism on resistance of cows to mastitis. *Ucheniye zapiski Kazanskoy gosudarstvennoy akademii veterinarnoy meditsini imeni N. E. Baumana = Scientific Notes Kazan Bauman State Academy of Veterinary Medicine*. 2019;238(2):4–8. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.31588/2413-4201-1883-238-2-4-9>
7. Khan M. Z., Wang J., Ma Y., Chen T., Ma M., Ullah Q. et al. Genetic polymorphisms in immune- and inflammation-associated genes and their association with bovine mastitis resistance/susceptibility. *Frontiers in Immunology*. 2023;14:1082144. DOI: <https://doi.org/10.3389/fimmu.2023.1082144>
8. Aksel E. G., Akçay A., Çelik E. B., Akyüz B. Investigation of the effect for three SNP (1252 G>A, 2534 G>A, 2569 T>C) of MBL-1 gene on subclinic mastitis in Simmental cows. *Journal of the Turkish Veterinary Medical Society*. 2022;93(1):18–27. DOI: <https://doi.org/10.33188/vetheder.987047>
9. Muhasin N. A., Bhushan B., Panigrahi M., Dewangan P. Association study of genetic variants at single nucleotide polymorphism rs109231409 of mannose-binding lectins 1 gene with mastitis susceptibility in Vrindavani crossbred cattle. *Veterinary World*. 2014;7(10):807–810 DOI: <https://doi.org/10.14202/vetworld.2014.807-810>
10. Kadraliyeva B. T. Influence of various factors on the somatic cells level in cow's milk. *Agrarnyy vestnik Verkhnevolzhya = Agrarian Journal of Upper Volga Region*. 2016;(4):42–46. (In Russ.). URL: <https://elibrary.ru/item.asp?id=27631495>
11. Zinnatova F. F., Alimov A. M., Zinnatov F. F. States of the complex relationship of gene genotypes CSN3, DGAT1, TG5, PRL, LGB and indicators of milk productivity of cattle. *Voprosi normativno-pravovogo regulirovaniya v veterinarii*. 2014;(2):120–123. (In Russ.). URL: <https://elibrary.ru/item.asp?id=21634266>
12. Peshko V. V., Pestis V. K., Pestis P. V., Yepishko O. A., Sitko A. A., Peshko N. N. Using of mannose-binding lectins (MBL1) gene and lactoferrin gene (LTF) in cattle selection. *Agriculture – problems and prospects: collection of scientific articles. Grodno: Grodnensky GAU, 2021. Vol. 52. pp. 112–124.* URL: <https://elibrary.ru/item.asp?id=48108774>
13. Kamaldeep A., Magotra A., Pander B. L., Dalal D. S., Malik B. S., Garg A. R., Malik A. Evaluation of candidate genotype of immune gene MBL1 associated with udder health and performance traits in dairy cattle and buffalo of India. *Tropical Animal Health and Production*. 2021;53(4):429. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11250-021-02865-2>
14. Aksel E. G., Akçay A., Arslan K., Sohel M. H., Güngör G., Akyüz B. The Effects of MBL1 Gene Polymorphism on Subclinical Mastitis in Holstein Cows. *Journal of the Faculty of Veterinary Medicine of the Caucasian University*. 2021;27(3):389–395. DOI: <https://doi.org/10.9775/kvfd.2021.25714>
15. Ulyanov V. A., Ginayatov N. S., Baymenov B. M., Malikzada K. M., Mendibayeva A. B. Preferred and undesirable genotypes of GH, IGF-1, MBL1 and LTF genes in black-and-white breed for milk productivity and milk quality traits. *Nauka i obrazovaniye*. 2023;(1-1(70)):78–86. (In Kazakhstan). DOI: <https://doi.org/10.52578/2305-9397-2023-1-1-78-87>
16. Kamaldeep A., Magotra A., Pander B. L., Malik A., Garg A. R., Dalal D. S., Malik B. S. Association of G.2686T>C mutation of MBL1 gene with reproduction traits in sahiwal cattle. *International Journal of Agricultural Science and Research*. 2017;7(6):159–164. URL: https://www.researchgate.net/publication/373020228_ASSOCIATION_OF_G2686TC_MUTATION_OF_MBL1_GENE_WITH_REPRODUCTION_TRAITS_IN_SAHIWAL_CATTLE
17. Kiyici J. M., Daldaban F., Arslan K., Akyüz B., Kaliber M., Cinar M. U. Effect of Mannose-Binding Lectin (protein A) 1 (MBL1) Gene Polymorphisms on Milk Production Traits and Somatic Cell Count in Holstein Dairy Cattle. *Journal of the Hellenic Veterinary Medical Society*. 2025;76(1):8779–8784. DOI: <https://doi.org/10.12681/jhvms.37676>
18. Shamsiyeva L. V. Physico-chemical characteristics of milk in subclinical mastitis cows. *Ucheniye zapiski Kazanskoy gosudarstvennoy akademii veterinarnoy meditsini im. N. E. Baumana = Scientific Notes Kazan Bauman State Academy of Veterinary Medicine*. 2017;232(4):159–162. (In Russ.). URL: <https://elibrary.ru/item.asp?id=30693505>

Вклад авторов: Худякова Н. А., Кожевникова И. С. – концепция и план исследования, анализ данных, подготовка рукописи; Ступина А. О., Классен И. А. – анализ данных, подготовка рукописи; Кашин А. С. – анализ данных.

Сведения об авторах

✉ Худякова Наталья Александровна, кандидат с.-х. наук, старший научный сотрудник лаборатории инновационных технологий в АПК, ФГБУН Федеральный исследовательский центр комплексного изучения Арктики имени академика Н. П. Лаверова Уральского отделения Российской академии наук, пр-кт Никольский, д. 20, г. Архангельск, Российская Федерация, 163000, e-mail: dirnauka@fciactic.ru,
ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-1302-2965>, e-mail: nata070707hudyakova@yandex.ru

Кожевникова Ирина Сергеевна, кандидат биол. наук, заведующая лабораторией инновационных технологий в АПК, ФГБУН Федеральный исследовательский центр комплексного изучения Арктики имени академика Н. П. Лаверова Уральского отделения Российской академии наук, пр-кт Никольский, д. 20, г. Архангельск, Российская Федерация, 163000, e-mail: dirnauka@fciactic.ru; доцент кафедры биологии человека и биотехнических систем, ФГАОУ ВО «Северный (Арктический) федеральный университет имени М. В. Ломоносова», Набережная Северной Двины, д. 17, г. Архангельск, Российская Федерация, 163002, e-mail: public@narfu.ru,
ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-7194-9465>

Ступина Александра Олеговна, младший научный сотрудник лаборатории инновационных технологий в АПК, ФГБУН Федеральный исследовательский центр комплексного изучения Арктики имени академика Н. П. Лаверова Уральского отделения Российской академии наук, пр-кт Никольский, д. 20, г. Архангельск, Российская Федерация, 163000, e-mail: dirnauka@fciactic.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-7664-3684>

Классен Инга Андреевна, младший научный сотрудник лаборатории инновационных технологий в АПК, ФГБУН Федеральный исследовательский центр комплексного изучения Арктики имени академика Н. П. Лаверова Уральского отделения Российской академии наук, пр-кт Никольский, д. 20, г. Архангельск, Российская Федерация, 163000, e-mail: dirnauka@fciactic.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4421-6087>

Кашин Андрей Сергеевич, младший научный сотрудник лаборатории инновационных технологий в АПК, ФГБУН Федеральный исследовательский центр комплексного изучения Арктики имени академика Н. П. Лаверова Уральского отделения Российской академии наук, пр-кт Никольский, д. 20, г. Архангельск, Российская Федерация, 163000, e-mail: dirnauka@fciactic.ru, ORCID: <https://orcid.org/0009-0004-1155-0339>

Author contributions: Khudyakova N. A., Kozhevnikova I. S. – research concept and plan, data analysis, manuscript preparation; Stupina A. O., Klassen I. A. – data analysis, manuscript preparation; Kashin A. S. – data analysis.

Information about the authors

✉ Natalia A. Khudyakova, PhD in Agricultural Science, senior researcher, the Laboratory of Innovative Technologies in Agro-Industrial Complex, N. Laverov Federal Center for Integrated Arctic Research of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, 20 Nikolsky Avenue, Arkhangelsk, Russian Federation, 163000, e-mail: dirnauka@fciactic.ru,
ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-1302-2965>, e-mail: nata070707hudyakova@yandex.ru

Irina S. Kozhevnikova, PhD in Biological Science, Head of the Laboratory of Innovative Technologies in Agro-Industrial Complex, N. Laverov Federal Center for Integrated Arctic Research of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, 20 Nikolsky Avenue, Arkhangelsk, Russian Federation, 163000, e-mail: dirnauka@fciactic.ru; associate professor at the Department of Human Biology and Biotechnical Systems, Northern (Arctic) Federal University named after M. V. Lomonosov, Severnaya Dvina Emb. 17, Arkhangelsk, Russian Federation, 163002, e-mail: public@narfu.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-7194-9465>

Alexandra O. Stupina, junior researcher, the Laboratory of Innovative Technologies in Agro-Industrial Complex, N. Laverov Federal Center for Integrated Arctic Research of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, 20 Nikolsky Avenue, Arkhangelsk, Russian Federation, 163000, e-mail: dirnauka@fciactic.ru,
ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-7664-3684>

Inga A. Klassen, junior researcher, the Laboratory of Innovative Technologies in Agro-Industrial Complex, N. Laverov Federal Center for Integrated Arctic Research of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, 20 Nikolsky Avenue, Arkhangelsk, Russian Federation, 163000, e-mail: dirnauka@fciactic.ru,
ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4421-6087>

Andrey S. Kashin, junior researcher, the Laboratory of Innovative Technologies in Agro-Industrial Complex, N. Laverov Federal Center for Integrated Arctic Research of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, 20 Nikolsky Avenue, Arkhangelsk, Russian Federation, 163000, e-mail: dirnauka@fciactic.ru,
ORCID: <https://orcid.org/0009-0004-1155-0339>

✉ – Для контактов / Corresponding author