

**Молочная продуктивность голштинских первотелок  
комплексных генотипов генов *COQ9* и *STAT5A***

**Наталья Юрьевна Сафина<sup>1</sup>, Зилия Фидайлевна Фаттахова<sup>2</sup>, Эльза Равилевна Гайнутдинова<sup>1</sup>,  
Шамиль Касымович Шакиров<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Татарский научно-исследовательский институт сельского хозяйства ФИЦ КазНЦ РАН, г. Казань, Россия

<sup>2</sup>Селекционно-семеноводческий центр СП ФИЦ КазНЦ РАН, г. Казань, Россия

e-mail: natysafina@gmail.com

**Аннотация.** Изучены показатели молочной продуктивности и качественного состава молока коров-первотелок различных комплексных генотипов генов *COQ9* и *STAT5A*. Генотипированием методом ПЦР-ПДРФ локусов *COQ9-BstMB I* и *STAT5A-PspE I* установлено, что в поголовье присутствуют животные всех генотипов. Наибольшее количество коров являются представителями гетерозиготного сочетания генотипов AG/CG – 27,2 % (65 гол.), меньше всего – комплексного генотипа GG/GG – 3,8 % (9 гол.). Изучение ассоциаций экономически значимых признаков молочной продуктивности у коров различных генотипов показало, что наиболее высокими удоями в полную и стандартную лактацию, содержанием массовой доли жира и белка, выходом молочного жира и белка отличаются особи с комплексными генотипами AA/CG, AA/CC, GG/CG и GG/CC. Худшими по всем изучаемым признакам стали коровы, имеющие комплексное сочетание AA/GG и AG/CC.

**Ключевые слова:** ген; *COQ9*; *STAT5A*; ПЦР-ПДРФ; коэнзим Q9; преобразователь сигнала и активатор транскрипции 5A; молочная продуктивность; удой; жир; белок; крупный рогатый скот.

**Для цитирования:** Сафина Н. Ю., Фаттахова З. Ф., Гайнутдинова Э. Р., Шакиров Ш. К. Молочная продуктивность голштинских первотелок комплексных генотипов генов *COQ9* и *STAT5A* // Аграрный научный журнал. 2023. № 7. С. 91–97. [http: 10.28983/asj.y2023i7pp91-97](http://10.28983/asj.y2023i7pp91-97).

VETERINARY MEDICINE AND ZOOTECHNICS

Original article

**Dairy productivity of Holstein first-calf cow of complex genotypes of the *COQ9* and *STAT5A* genes**

**Natalia Yu. Safina<sup>1</sup>, Ziliya F. Fattakhova<sup>2</sup>, Elza R. Gaynutdinova<sup>1</sup>, Shamil K. Shakirov<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Tatar Research Institute of Agriculture, FRC Kazan Scientific Center of RAS, Kazan, Russia

<sup>2</sup>Selection and Seed Center structural subdivision of FRC Kazan Scientific Center of RAS, Kazan, Russia

e-mail: natysafina@gmail.com

**Abstract.** The research presents a study of traits of dairy productivity and the qualitative composition of milk of Holstein heifers of various complex genotypes of the *COQ9* and *STAT5A* genes. Genotyping by PCR-RFLP of the *COQ9-BstMB I* and *STAT5A-PspE I* loci revealed that animals of all genotypes are present in the herd. The largest group of animals are representatives of the heterozygous combination of AG/CG genotypes – 27.2 % (65 animals), and the smallest group of cows of the complex GG/GG genotype – 3.8 % (9 animals). The analysis of associations of economically significant traits of milk productivity in cows of different genotypes showed that groups with complex genotypes AA/CG, AA/CC, GG/CG and GG/CC have the highest milk yields in full and standard lactation, the content of the mass fraction of fat and protein, the yield of fat and yield of protein. The worst indicators for all traits were cows with a complex combination of AA/GG and AG/CC.

**Keywords:** gene; *COQ9*; *STAT5A*; PCR-RFLP; coenzyme Q9; signal transducer and activator of transcription 5A; dairy production; yield; fat; protein; cattle.

**For citation:** Safina N. Yu., Fattakhova Z. F., Gaynutdinova E. R., Shakirov Sh. K. Dairy productivity of Holstein first-calf cow of complex genotypes of the *COQ9* and *STAT5A* genes. Agrarnyy nauchnyy zhurnal = The Agrarian Scientific Journal. 2023;(7):91–97. (In Russ.). [http: 10.28983/asj.y2023i7pp91-97](http://10.28983/asj.y2023i7pp91-97).





**Введение.** Развитие молекулярных и геномных технологий открыло возможность идентифицировать ДНК-маркеры (SNP) в генах-кандидатах, которые лежат в основе локусов количественных признаков (QTL), способствующих благоприятным фенотипическим вариациям животных. Полиморфизмы частично объясняют генетическую изменчивость и улучшают предполагаемую племенную ценность. С помощью молекулярных маркеров можно быстро, точно и своевременно отобрать особей с высоким потенциалом продуктивности в качестве племенных животных [4].

В молочном скотоводстве наиболее значимыми показателями продуктивности являются надой и качественный состав молока. Поэтому улучшение стад молочного направления по этим двум признакам имеет большое значение для молочной отрасли животноводства [1].

Изучение новых локусов, генов и их аллелей, влияющих на качественные и количественные признаки крупного рогатого скота, и использование знаний о них позволят получить поголовье, сочетающее в себе высокий генетический потенциал молочной продуктивности в совокупности со стабильным воспроизводством [5].

ДНК-тестирование сельскохозяйственных животных по генам-маркерам, ассоциированным с одним и тем же экономически значимым признаком, в сочетании генотипов может быть наиболее результативным, чем изучение отдельных полиморфизмов генов [2, 3, 6, 7].

Коэнзим *Q9* (*COQ9*) связан с изменением митохондриальной функции, процессов синтеза АТФ, энергетического обмена и модуляцией репродуктивной функции у коров молочного направления продуктивности [17]. Он обладает важными антиоксидантными свойствами, контролируя окислительно-восстановительный потенциал клеток, изменяя различные сигнальные пути и влияя на транскрипционную активность клеток [9, 15], стимулирует размножение посредством регуляции энергетического метаболизма в митохондриях и необходим для синтеза митохондриального аденозинтрифосфата, что, в свою очередь, влияет на послеродовой энергетический баланс [14]. SNP гена *COQ9* (NC001039767.1) картирован в положении 159 в *bovine coenzyme Q9* на хромосоме 18. Миссенс-мутация, вызывающая изменение G → A (гуанин → аденин) и приводящая к замене аспарагиновой кислоты на аспарагин в положении 53 белка, связывается с большей генетической ценностью в отношении частоты наступления стельности дочерей и коэффициентом оплодотворяемости коров [13].

Ген *STAT5A* (преобразователь сигнала и активатор транскрипции 5A) расположен на хромосоме 19, состоит из 19 экзонов, кодирующих 794 цепи аминокислот [16]. *STAT5A* является участником пути передачи сигнала интерферона- $\gamma$  (IFN- $\gamma$ ) и плацентарного лактогена (PL), что очень важно как для производства молока, так и для фертильности. Было установлено, что SNP (g.12195 замена G → C) в экзоне 8 в гене *STAT5A* (NC\_037346.1) связан с процентным содержанием молочного белка и жира, а также с выживаемостью эмбриона у крупного рогатого скота [10, 11]. Влияние этого гена на надой также было обнаружено у коз [8].

Цель исследования – изучение показателей молочной продуктивности и качественного состава молока коров-первотелок различных комплексных генотипов генов *COQ9* и *STAT5A*.

**Методика исследований.** Исследования проводили на 239 коровах-первотелках голштинской породы в СХПК «Племенной завод им. Ленина» Актинского района Республики Татарстан. Для анализа использовалась очищенная ДНК, экстрагированная посредством набора «Ампли Прайм ДНК-Сорб-В» (Некст Био, Россия) из крови, полученной из хвостовой вены. Полиморфизмы генов *COQ9* и *STAT5A* выявляли методом ПЦР-ПДРФ с использованием олигонуклеотидных праймеров (Евроген, Россия), входящих в состав реакционных смесей, в заданной последовательности (табл. 1).

Амплификацию фрагментов ПЦР проводили в термоциклерах MyCycler и T100 Thermal Cycler (BIO RAD, США). Температурные режимы, время и количество циклов были подобраны индивидуально для каждого комплекта праймеров [5].

Цельные фрагменты генов *COQ9* и *STAT5A*, полученные в ходе ПЦР, подвергались рестрикции эндонуклеазами *Bst*MB I и *Psp*E I (СибЭнзим, Россия) соответственно (табл. 2). Температу-

## Праймеры для полимеразной цепной реакции

| Ген           | Праймер                                  | п.о. | Источник                               |
|---------------|------------------------------------------|------|----------------------------------------|
| <i>COQ9</i>   | F: 5' – AGT TTC TGT TTC AGT GCC CCG – 3' | 21   | N.R. Michel-Regalado et al., 2020 [12] |
|               | R: 3' – GCA GGT GTT CTG ATG CCT ACC – 5' | 21   |                                        |
| <i>STAT5A</i> | F: 5' – GAG AAG TTG GCG GAG ATT ATC – 3' | 21   | H. Khatib et al., 2008 [11]            |
|               | R: 5' – CCG TGT GTC CTC ATC ACC TG – 3'  | 20   |                                        |

Таблица 2

## Фрагменты, получаемые в ходе ПЦР-ПДРФ-анализа

| Изучаемый полиморфизм                       | ПЦР-фрагмент | Эндонуклеаза рестрикции | Сайт узнавания       | ПДРФ-фрагмент                                              |
|---------------------------------------------|--------------|-------------------------|----------------------|------------------------------------------------------------|
| Ген <i>COQ9</i><br>A → G (Asp/Asn)          | 202 п.о.     | <i>BstMB I</i>          | ↑GATC<br>CTAG↓       | AA 120, 82 п.о.<br>AG 120, 109, 82 п.о.<br>GG 109, 82 п.о. |
| Ген <i>STAT5A</i><br>C → G<br>(трансверсия) | 820 п.о.     | <i>PspE I</i>           | G↑GTNACC<br>CCANTG↓G | CC 820 п.о.<br>GC 820, 676, 144 п.о.<br>GG 676, 144 п.о.   |

ра для рестриктазы *BstMB I* составила 65 °C, а для *PspE I* – 37 °C при длительности процесса гидролиза 2 ч.

Образовавшиеся в ходе ПДРФ продукты реакции разгоняли в агарозном геле при помощи электрофореза в присутствии этидия бромид. Фотодокументацию осуществляли на оборудовании GelDoc Go с программным обеспечением Image Lab Touch V. 3.0 (BIO RAD, США).

Сведения об удое за полную и стандартную лактацию, а также количестве дойных дней получены из ИАС «СЕЛЭКС. Молочный скот w.9.2.20» (АРМ Плино, Россия). Анализ показателей качества молока (массовая доля жира и белка) проводился на оборудовании CombiFoss™ 7, MilkoScan™ 7 RM, Fossomatic™ 7 в АО ГПП «Элита» Высокогорского района Республики Татарстан.

**Результаты исследований.** В результате проведенного анализа ПЦР-ПДРФ данных выявлены все фрагменты, соответствующие аллелям *A* и *G* для гена *COQ9* и *C* и *G* для гена *STAT5A*, и их сочетания (см. табл. 2). Генодиагностика локусов *COQ9-BstMB I* и *STAT5A-PspE I* показала, что в поголовье присутствуют животные всех генотипов. Комплексные генотипы генов *COQ9/STAT5A* также установлены во всей исследуемой популяции, что свидетельствует о полиморфизме и генетическом биоразнообразии (табл. 3).

Таблица 3

Частота встречаемости комплексных генотипов генов *COQ9/STAT5A*

| Генотип, n/%             | <i>STAT5A<sup>CC</sup></i> | <i>STAT5A<sup>CG</sup></i> | <i>STAT5A<sup>GG</sup></i> |
|--------------------------|----------------------------|----------------------------|----------------------------|
| <i>COQ9<sup>AA</sup></i> | 18 (7,5)                   | 37 (15,5)                  | 29 (12,1)                  |
| <i>COQ9<sup>AG</sup></i> | 15 (6,3)                   | 65 (27,2)                  | 38 (15,9)                  |
| <i>COQ9<sup>GG</sup></i> | 11 (4,6)                   | 17 (7,1)                   | 9 (3,8)                    |

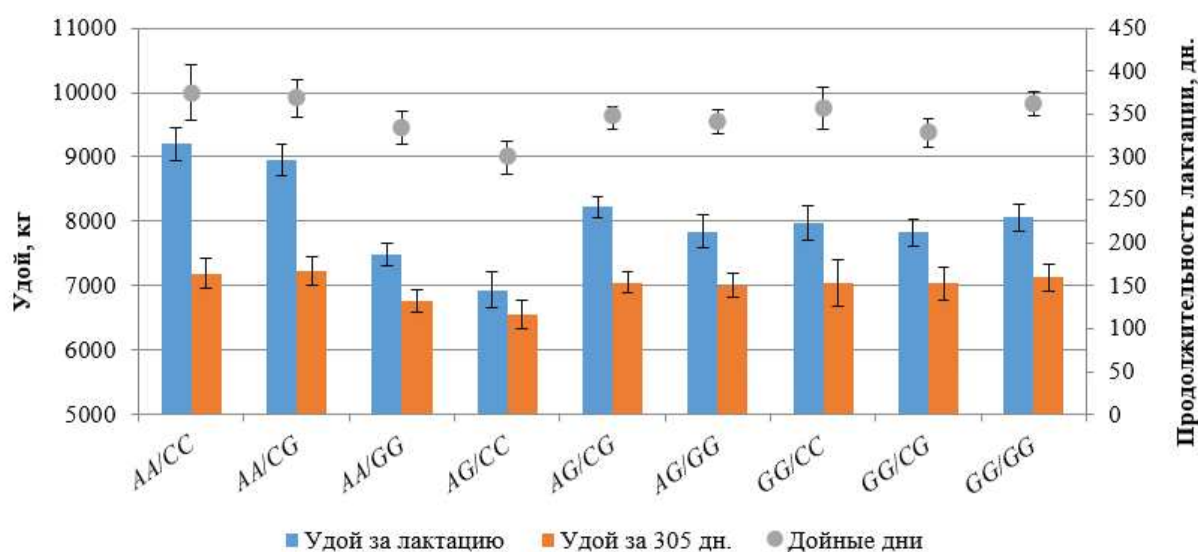




Наибольшее число животных являются представителями гетерозиготного сочетания генотипов AG/CG – 27,2 % (65 гол.), вторая и третья по численности группы особей с генотипами AG/GG и AA/CG – 15,9 и 15,5 % (38 и 37 гол.) соответственно, меньше всего носителей гомозиготного комплексного генотипа GG/GG – 3,8 % (9 гол.).

На основании полученного распределения в дальнейшем был проведен анализ ассоциаций животных, каждого из установленных комплексных сочетаний генотипов по генам *COQ9/STAT5A*, с молочной продуктивностью и качественным составом молока. На рисунке представлены основные показатели лактационной деятельности первотелок с различными генными сочетаниями.

По протяженности полной лактации установлено достоверное превосходство коров со следующими комплексными генотипами: AA/CC, AA/CG, GG/GG и AG/CG; разница по этому показателю между ними и группой AG/CC (с лактацией продолжительностью 298,9 дня) достигала 47,0–76,2 дня (13,6–20,3 %;  $p < 0,05$ ).



Молочная продуктивность коров-первотелок с различными комплексными генотипами *COQ9/STAT5A*

Лидерами по молочной продуктивности за первую полную лактацию стали особи комплексных сочетаний AA/CC, AA/CG, AG/CG и GG/GG, их преимущество по удою над сверстницами иных генотипов генов *COQ9/STAT5A* составляло до 2265,5 кг (24,6 %;  $p < 0,001$ ). Минимальный показатель по этому признаку наблюдался у групп животных, имеющих генные ансамбли AG/CC и AA/GG (7478,57 и 6933,75 кг соответственно). В разрезе стандартной лактации (305 дней) высокими удоями также выгодно отличались первотелки с генотипами AA/CC, AA/CG и GG/GG. Однако статистически значимая разница установлена только между коровами с комплексными сочетаниями AA/CG и AG/CC – 676,7 кг, или 9,4 % ( $p < 0,05$ ).

Повышенным содержанием жира в молоке (3,84–3,79 %) характеризовались особи, идентифицированные как носители комплексов генотипов GG/CC, AG/CG AA/CG, GG/CG и AA/CC (табл. 4), превышая долю жира в молоке отдельных выборок с другим сочетанием генотипов на 0,24–0,38 абс.% ( $p < 0,01 \dots 0,001$ ). Низкое содержание жира 3,46 и 3,51 %, как и худший удой, зафиксированы у коров с генотипами AG/CC и AA/GG.

Массовая доля белка принимала максимальное значение в субпопуляциях с генными сочетаниями GG/CG, AA/CG и AA/CC – 3,37; 3,36 и 3,31 %, а минимальное у AG/CC-особей – 2,84 %. Разрыв, наблюдаемый между опытными коровами с лучшим и худшим качеством молока по белку, составил 0,51 абс.% ( $p < 0,001$ ).

Данные табл. 4 свидетельствуют о превосходстве первотелок с комплексным генотипом AA/CG по выходу молочного жира. Также хороший результат установлен у животных с генными сочетаниями AG/CG и GG/CC – 270,0 и 270,3 кг молочного жира за стандартную лактацию. Статистически значимые различия по выходу молочного жира между этими группами и отстаю-

Качественный состав молока коров-первотелок с различными комплексными генотипами *COQ9/STAT5A*

| Генотип | <i>n</i> | Массовая доля жира, % | Массовая доля белка, % | Молочный жир, кг | Молочный белок, кг | Сумма жира и белка, кг |
|---------|----------|-----------------------|------------------------|------------------|--------------------|------------------------|
| AA/CC   | 18       | 3,75±0,02**           | 3,31±0,08              | 269,5±19,8       | 238,4±11,2**       | 507,9±30,0*            |
| AA/CG   | 37       | 3,79±0,06***          | 3,36±0,05***           | 273,9±7,8***     | 243,1±7,8***       | 517,0±15,6***          |
| AA/GG   | 29       | 3,51±0,08             | 3,17±0,07*             | 237,5±8,1        | 214,4±8,3*         | 451,9±16,4             |
| AG/CC   | 15       | 3,46±0,05             | 2,86±0,10              | 227,0±8,4        | 187,1±10,0         | 414,1±18,4             |
| AG/CG   | 65       | 3,83±0,07             | 3,24±0,06**            | 270,0±8,9**      | 228,5±6,8**        | 498,5±15,7**           |
| AG/GG   | 38       | 3,70±0,07**           | 3,20±0,06**            | 259,2±6,1        | 224,2±5,0**        | 483,4±11,1**           |
| GG/CC   | 11       | 3,84±0,07***          | 3,30±0,10**            | 270,3±9,1**      | 232,0±4,6***       | 502,3±13,7***          |
| GG/CG   | 17       | 3,79±0,09**           | 3,37±0,08***           | 266,2±14,6       | 236,9±13,0**       | 503,1±27,6*            |
| GG/GG   | 9        | 3,59±0,10             | 3,00±0,11              | 256,3±15,3       | 214,2±13,4         | 470,5±28,7             |

Уровень значимости: \*  $p<0,05$ ; \*\*  $p<0,01$ ; \*\*\*  $p<0,001$ .

щими по этому признаку животными с генотипами AA/GG и AG/CC составили от 32,5 до 46,9 кг (12,0–17,1 %;  $p<0,05...0,001$ ).

Количество молочного белка имеет значительную вариативность в зависимости от идентифицированного комплекса генотипов. Достоверно выигрышно по выходу молочного белка выделялись особи с установленными в локусах генов *COQ9/STAT5A* сочетаниями AA/CG, AA/CC, GG/CG и GG/CC. Их показатель белка поднялся до значения 232,0–243,1 кг за лактацию, статистически превосходя выход белка сверстниц иных генотипов на 27,3–56,0 кг (12,7–23,0 %;  $p<0,05...0,001$ ). Отстающими по выходу белка, как и по выходу жира, вновь стали коровы-первотелки комплексных генотипов AA/GG и AG/CC с результатами 214,4 и 187,1 кг соответственно.

По совокупному выходу молочного жира и белка первые позиции у тех же генетических групп – AA/CG, AA/CC, GG/CG и GG/CC, выдавших в сумме более 500 кг. В аутсайдерах наблюдаются те же животные – носители генных сочетаний AA/GG и AG/CC, которые по итогам лактации дали 414,1 и 451,9 кг, что меньше на 65,1–102,9 кг, или 12,6–19,9 % ( $p<0,05...0,001$ ) уровня продуктивности лидирующих субпопуляций.

**Заключение.** Идентификация животных по генам *COQ9* и *STAT5A* и изучение полученных данных позволили установить, что исследуемая популяция голштинского скота отечественной селекции полиморфна по комплексу генов, она представлена всеми сочетаниями генотипов.

Изучение ассоциаций экономически значимых признаков молочной продуктивности и коров различных генотипов показало, что наиболее высокими удоями в полную и стандартную лактацию отличаются особи с комплексными генотипами AA/CG, AA/CC, GG/CG и GG/CC. Также эти группы животных характеризуются повышенным содержанием массовой доли жира и белка в молоке. Следует отметить, что у указанных животных по результатам лактации наблюдается выход молочного жира и белка, превосходящий по количеству результат других генетических групп, как по отдельности, так и в сумме. Худшие показатели по всем изучаемым признакам были у коров, имеющих комплексные сочетания AA/GG и AG/CC.

Полученные данные являются промежуточным итогом изучения молочной продуктивности в сочетании с показателями воспроизводительной способности скота голштинской породы Республики Татарстан с использованием методов маркер-ассоциированной селекции





в животноводстве. Дальнейшая работа будет направлена на исследование взаимосвязи полиморфизма генов *COQ9* и *STAT5A* и их комплексных генотипов, а также их влияния на репродуктивные качества коров.

#### СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Арслан К., Акюз Б., Коркмаз Агаоглу О. Полиморфизм генов *STAT5A*, *FSHR* и *LHR* у местных турецких пород крупного рогатого скота (Восточная Анатолийская красная, Южная Анатолийская красная, Турецкая серая, Анатолийская черная и Завот) // Генетика. 2015. № 51(11). С. 1264–1272. DOI: 10.7868/S0016675815110028.
2. Взаимосвязь генов *LEP*, *TG5* и *SCD1* с жирномолочностью коров / Ф. Ф. Зиннатов [и др.] // Ученые записки Казанской государственной академии ветеринарной медицины им. Н. Э. Баумана. 2022. Т. 250 (II). С. 85–92. DOI: 10.31588/2413\_4201\_1883\_2\_250\_85.
3. Влияние комплексных генотипов генов каппа-казеин (*CSN3*) и бета-лактоглобулин (*LGB*) на молочную продуктивность голштинского скота / Н. Ю. Сафина [и др.] // Аграрный научный журнал. 2020. № 5. С. 64–67. DOI: 1028983/asj.y2020i5pp64-67.
4. Рачкова Е. Н. Влияние сервис-периода на молочную продуктивность коров голштинской породы в связи с генетическими аспектами // Ученые записки Казанской государственной академии ветеринарной медицины им. Н.Э. Баумана. 2017. Т. 230 (II). С. 114–117.
5. Сафина Н. Ю., Фаттахова З. Ф., Гайнутдинова Э. Р., Зиннатова Ф. Ф. Влияние гена *STAT5A* на молочную продуктивность и репродуктивные качества голштинского скота // Научно-инновационные аспекты аграрного производства: перспективы развития: материалы II Национальной науч.-практ. конф. с междунар. участием, посвящ. памяти доктора технических наук, профессора Н. В. Бышова. Рязань: РГТУ, 2022. С. 352–357.
6. Сафина Н. Ю., Юльметьева Ю. Р., Шакиров Ш. К. Влияние комплекса полиморфизма генов к-казеина (*CSN3*) и пролактина (*PRL*) на молочную продуктивность коров-первотелок голштинской породы // Молочнохозяйственный вестник. 2018. № 1. С. 74–82.
7. Шайдуллин Р. Р., Ганеев А. С. Комплексное влияние полиморфизма генов *CSN3* и *DGAT1* на молочную продуктивность черно-пестрого скота // Вестник Ульяновской государственной сельскохозяйственной академии. 2017. № 1(37). С. 156–159.
8. Polymorphism identification in goat *DGAT1* and *STAT5A* genes and association with milk production traits / X. P. An et al. // Czech J Anim Sci. 2013. No. 58. P. 321–327.
9. Crane F. L. Biochemical functions of coenzyme Q10 // Journal of the American College of Nutrition. 2001. No. 20(6). P. 591–598. <https://doi.org/10.1080/07315724.2001.10719063>.
10. Polymorphisms of *STAT5A* gene and their association with milk production traits in Holstein cows / X. He et al. // Mol Biol Rep. 2012. No. 39. P. 2901–2907. DOI: 10.1007/s11033-011-1051-4.
11. Mutations in the *STAT5A* Gene Are Associated with Embryonic Survival and Milk Composition in Cattle / H. Khatib et al. // Journal of Dairy Science. 2008. No. 91. P. 784–793. DOI: 10.3168/jds.2007-0669.
12. Effect of *COQ9* and *STAT5A* polymorphisms on reproductive performance in a Holstein cow herd in Mexico / N. R. Michel-Regalado et al. // Animal Reproduction. 2020. No. 17(3). P. 1–7. <https://doi.org/10.1590/1984-3143-AR2020-0039>.
13. Use of single nucleotide polymorphisms in candidate genes associated with daughter pregnancy rate for prediction of genetic merit for reproduction in Holstein cows / M. S. Ortega et al. // Animal Genetics. 2016. No. 47. P. 288–297. <https://doi.org/10.1111/age.12420>.
14. A single nucleotide polymorphism in *COQ9* affects mitochondrial and ovarian function and fertility in Holstein cows / M. S. Ortega et al. // Biology of Reproduction. 2017. No. 96(3). P. 652–663. <https://doi.org/10.1093/biolre/iox004>.
15. Reactive oxygen species, oxidative stress, and cell death correlate with level of CoQ10 deficiency / C. M. Quinzii et al. // The FASEB Journal. 2010. No. 24(10). P. 3733–3743; <https://doi.org/10.1096/fj.09-152728>.
16. Seyfert H. M., Pitra C., Meyer L. Molecular characterization of *STAT5A* and *5B* encoding genes reveals extended intragenic sequence homogeneity in cattle and mouse and different degrees of divergent evolution of various domains // J. Mol. Evol. 2000. No. 50(6). P. 550–561.
17. Silveira P. A. S. Associações de mutações genéticas com a fertilidade, produção de leite, metabolismo e saúde de vacas leiteiras: Tese (Doutorado em Ciências) - Programa de Pós-Graduação em Veterinária, Faculdade de Veterinária. Universidade Federal de Pelotas. Data da Defesa: 26.02.2018. Pelotas. 2018. 97f.

1. Arslan K., Akyüz B., Korkmaz Agaogl O. Investigation of STAT5A, FSHR and LHR gene polymorphisms in Turkish indigenous cattle breeds (East Anatolian red, South Anatolian red, Turkish grey, Anatolian black and Zavot). *Genetics*. 2015;51(11):1264–1272. DOI: 10.7868/S0016675815110028. (In Russ.).
2. Relationship of LEP, TG5, SCD1 genes with milk fat in cows / F. F. Zinnatov et al. *Scientific Notes Kazan Bauman State Academy of Veterinary Medicine*. 2022;250(II):85–92. DOI: 10.31588/2413\_4201\_1883\_2\_250\_85. (In Russ.).
3. Rachkova E. N. The heritability of milk productivity depending on polymorphism gene beta-lactoglobulin. *Scientific Notes Kazan Bauman State Academy of Veterinary Medicine*. 2017;230(II):114–117. (In Russ.).
4. Safina N. Yu., Fattakhova Z. F., Gaynutdinova E. R., Zinnatova F. F. Influence of STAT5A gene on the dairy and reproduction quality of Holstein cattle // Scientific and innovative aspects of agricultural production: development prospects: Proceedings of the II National scientific and practical conference with international participation, dedicated to the memory of Doctor of Technical Sciences, Professor N. V. Byshova. Ryazan: RSATU; 2022. P. 352–357. (In Russ.).
5. Influence of polymorphism of complex of CSN3 and LGB genes on the dairy productivity in Holstein cattle / N. Yu. Safina et al. *Agrarian Scientific Journal*. 2020;(5):64–67. DOI: 1028983/asj.y2020i5pp64-67. (In Russ.).
6. Safina N. Yu., Yulmeteva Yu. R., Shakirov Sh. K. Influence of the polymorphism complex of  $\kappa$ -casein (CSN3) and prolactin (PRL) genes on the milk productivity of the Holstein first calf heifers. *Dairy Bulletin*. 2018;(1):74–82. (In Russ.).
7. Shaidullin R. R., Ganiev A. S. Complex influence of CSN3 and DGAT1 gene polymorphism on milk productivity of Blackspotted cattle. *Bulletin of the Ulyanovsk State Agricultural Academy*. 2017;1(37):156–159. (In Russ.).
8. Polymorphism identification in goat DGAT1 and STAT5A genes and association with milk production traits / X. P. An et al. *Czech J Anim Sci*. 2013;(58):321–327.
9. Crane F. L. Biochemical functions of coenzyme Q10. *Journal of the American College of Nutrition*. 2001;20(6):591–598. <https://doi.org/10.1080/07315724.2001.10719063>
10. Polymorphisms of STAT5A gene and their association with milk production traits in Holstein cows / X. He et al. *Mol Biol Rep*. 2012;(39):2901–2907. DOI: 10.1007/s11033-011-1051-4.
11. Mutations in the STAT5A Gene Are Associated with Embryonic Survival and Milk Composition in Cattle / H. Khatib et al. *Journal of Dairy Science*. 2008;(91):784–793. DOI: 10.3168/jds.2007-0669.
12. Effect of COQ9 and STAT5A polymorphisms on reproductive performance in a Holstein cow herd in Mexico / N. R. Michel-Regalado et al. *Animal Reproduction*. 2020;17(3):1–7. <https://doi.org/10.1590/1984-3143-AR2020-0039>.
13. Use of single nucleotide polymorphisms in candidate genes associated with daughter pregnancy rate for prediction of genetic merit for reproduction in Holstein cows / M. S. Ortega et al. *Animal Genetics*. 2016;(47):288–297. <https://doi.org/10.1111/age.12420>.
14. A single nucleotide polymorphism in COQ9 affects mitochondrial and ovarian function and fertility in Holstein cows / M. S. Ortega et al. *Biology of Reproduction*. 2017;96(3):652–663. <https://doi.org/10.1093/biolre/iox004>.
15. Reactive oxygen species, oxidative stress, and cell death correlate with level of CoQ10 deficiency / C. M. Quinzii et al. *The FASEB Journal*. 2010;24(10):3733–3743. <https://doi.org/10.1096/fj.09-152728>.
16. Seyfert H. M., Pitra C., Meyer L. Molecular characterization of STAT5A and 5B encoding genes reveals extended intragenic sequence homogeneity in cattle and mouse and different degrees of divergent evolution of various domains. *J. Mol. Evol*. 2000;50(6):550–561.
17. Silveira P. A. S. Associações de mutações genéticas com a fertilidade, produção de leite, metabolismo e saúde de vacas leiteiras: Tese (Doutorado em Ciências) - Programa de Pós-Graduação em Veterinária, Faculdade de Veterinária. Universidade Federal de Pelotas. Data da Defesa: 26.02.2018. Pelotas. 2018. 97f.

Статья поступила в редакцию 28.04.2023; одобрена после рецензирования 05.05.2023; принята к публикации 10.05.2023.

The article was 28.04.2023; approved after reviewing 05.05.2023; accepted for publication 10.05.2023.

