

УДК: 636.034:636.082

DOI:10.52419/issn2072-2419.2025.4.534

ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ, ПОКАЗАТЕЛЕЙ ПРОДУКТИВНЫХ КАЧЕСТВ И ВОСПРОИЗВОДИТЕЛЬНОЙ СПОСОБНОСТИ ГОЛШТИНСКОГО СКОТА ПО ГЕНУ *SELP_{ex8}*

Сафина Н.Ю.* – канд. биол. наук, ст. науч. сотр. (ORCID 0000-0003-1184-3188); Гайнутдинова Э.Р. – асп., науч. сотр. (ORCID 0000-0002-2970-1500); Фаттахова З.Ф. – канд. биол. наук, ст. науч. сотр. (ORCID 0000-0002-6083-2883)

Татарский научно-исследовательский институт сельского хозяйства
ФИЦ КазНЦ РАН

*natysafina@gmail.com

Ключевые слова: ген, биоразнообразие, полиморфизм, *SELP_{ex8}*, P-селектин, продуктивность, удой, жир, белок, фертильность, скот, быки

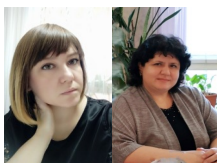
Key words: gene, biodiversity, polymorphism, *SELP_{ex8}*, P-selectin, productivity, milk yield, fat, protein, fertility, cattle, bulls

Финансирование: Работа выполнена по государственному заданию: «Совершенствование комплексных отечественных технологий селекции, растениеводства и животноводства на основе идентификации высокоценных генотипов, молекулярно-генетических методов, биотехнологий, конструирования адаптивных и высокопродуктивных агробиоценозов и агроэкосистем для производства экологической и функциональной продукции. Номер регистрации: 125031003428-9».

Поступила: 11.09.2025

Принята к публикации: 05.12.2025

Опубликована онлайн: 26.12.2025



РЕФЕРАТ

Исследование посвящено оценке влияния полиморфизма гена *SELP_{ex8}* (*Val475Met*) на генетические параметры, продуктивные и репродуктивные качества голштинского скота. Ген *SELP_{ex8}*, кодирующий P-селектин, играет ключевую роль в иммунных и воспалительных процессах, а также участвует в формировании репродуктивной функции. В ходе работы были генотипированы 258 коров СХПК «ПЗ им. Ленина» Атинского района и 67 быков-производителей АО «ГПП «Элита» Высокогорского района Республики Татарстан. В результате идентификации было установлено, что в обеих тестируемых группах преобладает аллель G – 0,835 и 0,791 у коров и быков соответственно. В поголовье коров встречаемость генотипов составила: GG – 69,0%, GA – 29,1% и AA – 1,9%. Среди быков не обнаружены особи-носители генотипа AA гена *SELP_{ex8}*, генотип GG имел долю 58,2%, а GA – 41,8%. Проведенный ассоциативный анализ полиморфных вариантов гена *SELP_{ex8}* с хозяйственно-полезными признаками показал, что особи с генотипом AA имеют рекордный уровень удоев, но при этом в молоке зафиксировано повышенное количество соматических клеток. Они так же характеризовались сниженной фертильностью и коротким периодом хозяйственного использования. Животные с генотипом GA демонстрировали повышенное содержание массовой доли жира и белка (%), а также выход молочного жира и белка. При этом они значимо ($p \leq 0,05 \dots 0,01$) превосхо-

дили сверстниц с другими генотипами по воспроизводительным качествам и продолжительностью хозяйственного использования. Полученные данные подчеркивают потенциал гена *SELP_{ex8}* в качестве генетического маркера для программ селекции, направленных на улучшения здоровья, продуктивности и долголетия молочного скота. Исследование выполнено в рамках государственного задания, регистрационный номер 125031003428-9.

ВВЕДЕНИЕ / INTRODUCTION

Благодаря развитию генных технологий и повышению целевых показателей в отрасли животноводства, соответствующих запросам потребителей и общества, появились новые методы селекции молочного скота, учитывающие его генетическое происхождение и линейную принадлежность [1, 2]. Программы племенного разведения, в основном ориентированные на высокие удои, привели к увеличению молочной продуктивности, сопровождающейся значительным снижением репродуктивной функции и здоровья коров [3, 4]. Внедрение маркерной селекции, как одного из этапов племенной работы, требует согласованных действий ученых и селекционеров. Исследования в области молекулярной генетики позволили глубже изучить биологические механизмы, определяющие ценные качества молочного скота, включая роль селектинов в формировании иммунитета и продуктивных характеристик [5].

Селектины – это семейство молекул клеточной адгезии, относящихся к С-типу лектинов. Они играют ключевую роль в иммунных и воспалительных процессах, протекающих в организме млекопитающих [6]. Селектины опосредуют прикрепление лейкоцитов к эндотелию сосудов, что чрезвычайно важно для процесса миграции иммунных клеток в очаги инфекции, включая воспаления молочной железы (мастит) у коров [7, 8].

У млекопитающих выделяют три типа селектинов: Е-селектин, L-селектин, Р-селектин. Несмотря на то, что большинство исследований селектинов и их полиморфизмов проведено на людях, у крупного рогатого скота также изучаются их генетические варианты и ассоциации с хозяйственно-полезными признаками.

Наиболее изученный и обладающий высокой степенью полиморфизма среди

селектинов – ген *SELP* [9, 10]. Р-селектин (*SELP*, CD62P) – это гликопротеин, выделяется в тромбоцитах и эндотелиальных клетках, выступает рецептором, связывающим их с лейкоцитами, вовлечен в процесс адгезии тромбоцитов и лейкоцитов к поврежденным тканям [8]. Р-селектин играет ключевую роль в иммунном ответе на воспаление и образованию тромбозов, запускает локальную коагуляцию (свертывание крови) [11, 12]. Экспрессия Р-селектина на поверхности тромбоцитов является индикатором их активации и используется в диагностике нарушений гемостаза [12]. Х. Chen с соавторами (2017) установили, что *SELP* также задействован в имплантации эмбриона и дальнейшем развитии плаценты [13]. Он также участвует в процессе миграции нейтрофилов (PMN) в желтое тело во время лютеолиза [14].

Ген *SELP* (Gene ID: 281486) локализован на *BTA16* (GenBank NC_037343.1) [15]. Обнаружено 9 SNP в экзонах *SELP*, включая три миссенс-мутации. Один из установленных SNP (rs378218397, миссенс-мутация *Val475Met*) гена *SELP* идентифицирован в экзоне 8 3'-UTR области гена между рецепторами CR4 и CR5, расположенного близко к потенциальному сайту гликозилирования N-ацетил-D-глюкозамина, что может влиять на стабильность и функцию белка [10, 15]. У людей аналогичные замены в *SELP* (например, *Thr715Pro*) связаны с нарушением гликозилирования и риском тромбозов, что подчеркивает консервативную роль домена CR4-CR5 [9]. Из этого следует предположение о возможном влиянии на плацентарное развитие из-за изменений в сигнальных путях воспаления, где Р-селектин играет ключевую роль. Мутация в гене *SELP_{ex8}* (*Val475Met*) может нарушать адгезию трофобласта к эндометрию на ранних стадиях стельности.

Этот SNP rs378218397 гена *SELP_{ex8}* ассоциирован рядом исследователей с такими признаками, как уменьшение числа успешных оплодотворений, преждевременное прерывание беременности, молочная продуктивность, сокращение периода хозяйственного использования и продолжительность жизни у коров [13, 15]. Зарубежные работы указывают на то, что ген *SELP* связан со значительными изменениями экспрессии в ткани молочной железы в ответ на интрамаммарную инфекцию, вызванную либо *E. coli*, либо *S. uberis*, в исследованиях генетических ассоциаций с содержанием соматических клеток в молоке. После заражения *E. Coli* и *S. uberis* наблюдается повышенная экспрессия молекулы адгезии Р-селектина (*SELP*) [15, 16]. В исследованиях GWAS у буйволов ген *SELP* ассоциирован с возрастом первого отела, что может быть связано с его вовлеченностью в течение воспалительных процессов при фолликулярной атрезии у коров [11].

Все вышеизложенное указывает на то, что селектины, особенно *SELP*, являются важными генетическими маркерами племенных и продуктивных качеств крупного рогатого скота, что делает их перспективными генами-кандидатами для геномного отбора в программах разведения для улучшения целевых показателей животноводческой отрасли.

Цель исследования – оценить генетическое разнообразие, показатели продуктивных качеств и воспроизводительной способности голштинского скота по гену *SELP_{ex8}*.

MATERIALS AND METHODS / МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

В исследовании были использованы образцы проб крови 258 голов коров голштинской породы СХПК «Племенной завод им. Ленина» Атнинского района и 67 голов быков-производителей ГПП «АО «Элита» Высокогорского район Республики Татарстан. Выделение ДНК из замороженного биологического материала осуществляли посредством набора «GM Blood Q» (Sesana, Россия) согласно инструкции производителя. Для детекции

полиморфизма *Val475Met* гена *SELP_{ex8}* использовался комплект олигонуклеотидных праймеров (Евроген, Россия): F: 5' - GTG GAT GGT TTA GTT GCT AGG TT - 3' (23 п.о.), R: 5' - TGG GAT TGC TGT GGG TTT - 3' (18 п.о.) [13]. Дозы внесения реагентов (СибЭнзим, Россия) в реакционную смесь для ПЦР, содержащую геномную ДНК, и температурно-временные режимы для амплификации были разработаны и апробированы в лаборатории отдела физиологии, биохимии, генетики и питания животных ТатНИИСХ ФИЦ КазНЦ РАН [5]. Интерпретацию визуализированных образцов проводили согласно выявленным сочетаниям фрагментов, полученных в результате ПДРФ-анализа.

При вычислении расчетных показателей для генетических групп использовались данные первичного зоотехнического и ветеринарного учета из ИАС «СЕЛЭКС. Молочный скот» (АРМ «Плино», Россия). Обработку данных производили на ПК с применением формул биометрического анализа в генетике и разведении, предложенных Е.К. Меркурьевой (1977), Г.Н. Шангиным-Березовским (1983), И.М. Дуниным (1996), Я. Дохи (1961).

РЕЗУЛЬТАТЫ / RESULTS

В ходе генотипирования крупного рогатого скота по гену *SELP_{ex8}* были идентифицированы 2 аллеля – G и A (Рис. 1). В разрезе обоих анализируемых стад наблюдается преобладание «нормального» аллеля над «мутантным».

В опытном поголовье коров их распределение составило 0,835 и 0,165 соответственно (Табл. 1).

Частота встречаемости генотипов GG, GA и AA, установленных у животных исследуемой популяции, находилась на уровне 69,0 %, 29,1 % и 1,9 %. Бык-производители имели распространенность аллелей: G – 0,791 и A – 0,209. Однако среди их числа не обнаружены особи-носители генотипа AA гена *SELP_{ex8}*. Доля животных с генотипами GG имела максимальное значение – 58,2%, а распространенность быков с генотипами GA была 41,8%.

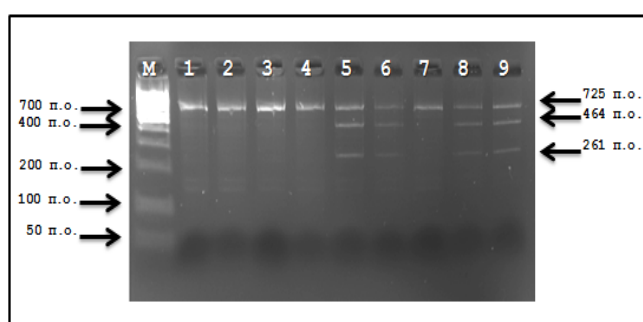


Рисунок 1 – Электрофореграмма продуктов ПЦР-ПДРФ, расщепленных эндонуклеазой *FauND I* (37 °C, 2 ч., сайт узнавания $CA\uparrow TATG / GTAT\downarrow AC$) гена *SELP_{exs}*; аллели G – 725 п.о. и A – 464, 261 п.о. (M – маркер 50-1000 п.о., 1, 2, 3, 4, 7 – генотип GG, 5, 6, 8, 9 – генотип GA).

Таблица 1 – Частота встречаемости аллелей и генотипов гена *SELP_{exs}* и параметры генетического разнообразия популяций

	Генотипы						Аллели		χ^2	<i>Fis</i>	<i>PIC</i>
	n	%	n	%	n	%	G	A			
	GG		GA		AA						
Коровы-первотелки (N = 258)											
Н	178	69,0	75	29,1	5	1,9	0,835	0,165	0,83	-0,057	0,475
О	180	69,8	71	27,5	7	2,7					
Быки-производители (N = 67)											
Н	39	58,2	28	41,8	0	0,0	0,791	0,209	4,68	-0,264	0,552
О	42	62,6	22	33,1	3	4,4					

Примечание: $\chi^2_{крит}(0,05) = 5,99$; *Fis* – индекс фиксации; *PIC* – мера информационного полиморфизма ($PIC < 0,25$ – слабый полиморфизм, $0,25 < PIC < 0,50$ – умеренный полиморфизм, $PIC > 0,50$ – сильный полиморфизм).

Генетическое тестирование голштинских первотелок X. Chen с соавторами, проведенное на 18 коммерческих фермах, показало, схожую частоту встречаемости генотипов гена *SELP_{exs}*: для генотипа GG – 67,0%, AG и AA – 32,0 и 1,0 % соответственно. В этом исследовании наблюдался дефицит гомозигот AA, что, по их мнению, указывает на возможную эмбриональную летальность или сниженную выживаемость таких особей [13].

В результате оценки варибельности наблюдаемого и ожидаемого распределения аллелей и генотипов гена *SELP_{exs}* методом критерия хи-квадрат установлено, что опытные популяции коров и быков-производителей находятся в генетическом равновесии согласно закону Харди-

Вайнберга. Полученные значения χ^2 (0,83 и 4,68) ниже критического $\chi^2_{0,05} = 5,99$.

В популяции коров-первотелок наблюдается слабая отрицательная фиксация (*Fis* = -0,057), что свидетельствует о незначительном избытке гетерозигот, и умеренный полиморфизм (*PIC* = 0,475), указывающий на достаточное генетическое разнообразие. В то же время у быков-производителей выявлена умеренная отрицательная фиксация (*Fis* = -0,264), что говорит о более выраженном избытке гетерозигот, и сильный полиморфизм (*PIC* = 0,522), демонстрирующий высокий уровень генетического разнообразия в этом поголовье.

Для оценки практического применения выявленных генетических особенно-

стей было проведено сравнение показателей молочной продуктивности у животных с разными генотипами гена *SELP_{ex8}*. Исходя из представленных данных в таблице 2, можно увидеть следующую тенденцию GA > AA > GG в увеличении продолжительности лактации (количество дойных дней) у коров, имеющих разные генотипы.

По удою преимущество наблюдалось у животных с генотипами AA над особя-

ми с генотипами GA и GG соответственно – за полную на 922,1 и 1382,6 кг (10,7 и 16,0 %; $p \leq 0,001$), и на 870,1 и 1133,3 кг (10,9 и 14,2 %; $p \leq 0,001$) за (305 дн.) лактацию. Эта же генетическая группа превосходила сверстниц по коэффициенту молочности на 195,8 и 239 (12,6 и 15,4 %; $p \leq 0,001$) и по коэффициенту устойчивости лактации на 8,4 и 1,6 у первотелок с генотипами GA и GG.

Таблица 2 – Показатели молочной продуктивности коров разных генотипов гена *SELP_{ex8}*

Показатель	Генотип GG	Генотип GA	Генотип AA
Дойные дни, дн.	314,5±10,2	336,2±17,2	324,8±16,1
Удой за полн. лактацию, кг	7211,8±197,1	7662,3±132,8	8584,4±80,8***
Удой за 305 дней лактации, кг	6857,5±92,3	7120,7±123,4	7990,8±61,2***
Коэффициент молочности	1314,7±18,3	1357,9±25,8	1553,7±31,0***
Коэффициент устойчивости лактации	99,2±1,1	92,4±1,7	100,8±3,8

Примечание: * – $p \leq 0,05$; ** – $p \leq 0,01$; *** – $p \leq 0,001$ в сравнении большего показателя с меньшим.

Таблица 3 – Показатели качественного и физико-химического состава молока коров с разными генотипами гена *SELP_{ex8}*

Показатель	Генотип GG	Генотип GA	Генотип AA
Массовая доля жира, %	3,45±0,05	3,67±0,08***	3,17±0,10
Массовая доля белка, %	3,39±0,02	3,44±0,03***	2,83±0,03
Выход молочного жира, кг	236,6±4,21	261,3±7,07**	253,3±5,9
Выход молочного белка, кг	232,5±3,65	245,0±4,18***	226,1±4,71
Сумма молочного жира и белка, кг	469,1±7,1	506,3±10,7***	479,4±8,3
СОМО, %	8,74±0,03	8,81±0,03	8,49±0,02
Соматические клетки, тыс./см ³	343,9±16,4	374,4±32,7	568,5±69,3*

Примечание: * – $p \leq 0,05$; ** – $p \leq 0,01$; *** – $p \leq 0,001$ в сравнении большего показателя с меньшим.

Помимо количественных показателей важную роль играет его состав и технологические свойства (табл. 3). Статистически значимое большее содержание массовой доли жира в молоке опытных коров различных генотипов установлено между группами животных GA и AA на 0,50% ($p \leq 0,001$), а между GA и GG – 0,22% ($p \leq 0,05$) по гену *SELP_{ex8}*.

Анализ полиморфизма гена *SELP_{ex8}* показал высокое влияния на содержание

массовой доли белка в молоке коров с генотипами GA, опережающих по этому показателю сверстниц с генотипами AA на 0,61% ($p \leq 0,001$) и генотипами GG на 0,05% ($p \leq 0,001$). При этом результат, установленный у животных GG-типа, превосходил уровень белка в молоке коров с генотипами AA на 0,56%.

Коровы-первотелки с генотипами GA гена *SELP_{ex8}* характеризовались так же повышенным выходом молочного жира

(кг) и молочного белка (кг). Их показатели были выше, чем у особей с генотипами GG на 24,7 и 12,5 кг (9,5 и 5,1 %; $p \leq 0,01$), и на 8,0 и 18,9 кг (3,1 и 7,7 %; $p \leq 0,05 \dots 0,01$), чем у группы с генотипами AA, соответственно.

По сумме молочного белка и жира по гену $SELP_{ex8}$ выявлен ее достоверный более высокий уровень у коров с генотипом GA, как по отношению к генотипу GG на 37,2 кг (7,3%; $p \leq 0,01$), так и к AA-типу на 26,9 кг (5,3%; $p \leq 0,05$).

Животные генотипа GA гена $SELP_{ex8}$ так же характеризуются высоким содержанием СОМО в молоке. Разница по этому показателю составила между ними и

животными с генотипом AA 0,32%, а с генотипом GG – 0,07%.

Содержание соматических клеток в молоке достоверно увеличено у животных с генотипом AA ($p \leq 0,05$) по сравнению с животными генотипов GG и GA гена $SELP_{ex8}$ на 224,6 и 194,1 тыс./см³ (39,5 и 34,1 %) соответственно, что свидетельствует о возможной связи этого генетического варианта со склонностью к воспалительным процессам в вымени.

В таблице 4 представлено влияние различных генотипов гена $SELP_{ex8}$, оказываемое на показатели воспроизводительных качеств.

Таблица 4 – Показатели воспроизводительной способности коров

Показатель	Генотип GG	Генотип GA	Генотип AA
Возраст 1 плод. осеменения, мес.	18,3±0,22	18,4±0,32	18,8±0,96
Живая масса при 1 плод. осеменении, кг	420,6±2,6	432,9±5,3*	426,4±15,4
Живая масса при 1 отёле, кг	521,6±4,5	524,4±5,6	514,3±10,5
Кратность осеменения	1,08±0,02	1,15±0,04	1,20±0,20
Сервис-период, дн.	125,4±5,4*	96,2±12,1	133,6±8,4*
Межотельный период, дн	388,3±4,7	374,4±8,1	395,5±6,7*
Сухостойный период, дн.	55,7±1,3	49,6±4,1	57,0±1,8*
Выход телят на 100 коров, гол.	84,1±1,4	94,3±4,1***	81,2±2,1

Примечание: * – $p \leq 0,05$; ** – $p \leq 0,01$; *** – $p \leq 0,001$ в сравнении большего показателя с меньшим.

Полученные данные указывают на то, что в момент 1-го плодотворного осеменения между генетическими группами животных не было статистически значимых различий по возрасту. Этот показатель был несущественно вариативен – от 18,3 до 18,8 мес. Однако у коров с генотипом GA гена $SELP_{ex8}$ в этот период уровень живой массы был выше, чем у гомозиготных GG-особей, на 12,3 кг (2,8%; $p \leq 0,05$).

У первотелок с генотипом AA зарегистрирована большая кратность осеменений на удачное оплодотворение, что негативно характеризует показатель фертильности этой генетической группы.

Статистический анализ выявил значимое удлинение сервис-периода ($p \leq 0,05$)

у коров с генотипами AA и GG по сравнению с животными генотипа GA на 23,3 и 28,0 % соответственно.

Протяженность межотельного периода достоверно увеличена на 21,1 дн. у коров с генотипом AA относительно животных генотипа GA (5,3%, $p \leq 0,05$). По длительности сухостойного периода наблюдалось его возрастание у особей с генотипами GG и AA гена $SELP_{ex8}$ ($p \leq 0,05$) – на 6,1 и 7,4 дн. или 10,8 и 13,0 % больше по сравнению с носителями генотипа GA.

Расчетный показатель выхода телят на 100 коров подтверждают хорошие репродуктивные качества первотелок с генотипами GA. Статистически значимая ($p \leq 0,05 \dots 0,01$) разница между группами

особей с генотипами GA и GG – 10,2 гол. (10,8%), GA и AA – 13,1 гол. (10,9%).

Согласно анализу исследований коммерческих популяций голштинского скота зарубежными коллегами установлено, что гетерозиготные GA-животные по гену *SELP_{ex8}* имели более поздний возраст первого отела и увеличенный интервал между отелами, по сравнению с особями генотипа GG [10]. При этом X. Chen с коллегами (2016) сообщают, что генотип AA был малочисленный, и встречался только у 1,0%. Авторы связывают эту низкую частоту с возможным отрицательным воздействием данного генотипа на выживаемость на эмбриональной стадии. Это предположение подтверждается их наблюдениями: только 2 из 4 коров AA генотипа смогли успешно отелиться. Полученные результаты позволяют рассматривать генотип AA гена *SELP_{ex8}* как потенциальный маркер сниженной фертильности у голштинских коров [10].

По нашим данным о выбраковке из опытного поголовья коров изучаемая популяция была представлена животными, выбывающими из стада примерно в одном возрастном периоде – 2-3 лактации. Самый короткий показатель продуктивного долголетия установлен у животных с генотипами AA – 2,50 лактации. Чуть продолжительнее период хозяйственного использования у особей с генотипами GG и GA гена *SELP_{ex8}* – 2,72, и 2,82 лактации соответственно.

ВЫВОДЫ / CONCLUSION

Изучение полиморфизма гена *SELP_{ex8}* у голштинского скота подтвердило его значимое влияние на продуктивные и репродуктивные качества, а также выявило его значительное генетическое биоразнообразие в изучаемой популяции, что важно для сохранения генофонда породы. Установлено, что гетерозиготные GA-особи демонстрируют оптимальный баланс между молочной продуктивностью и воспроизводительной способностью. Коровы с генотипами AA ассоциированы с повышенным риском воспалительных процессов (высокое содержание соматических клеток в молоке) и сниженной

фертильностью. Полученные данные подчеркивают потенциал гена *SELP_{ex8}* в качестве генетического маркера для программ селекции, направленных на улучшения здоровья, продуктивности и долголетия молочного скота.

EVALUATION OF GENETIC DIVERSITY, PRODUCTIVE TRAITS AND REPRODUCTIVE PERFORMANCE OF HOLSTEIN CATTLE BY THE *SELP_{ex8}* GENE

Safina N.Yu.* – Candidate of Biological Sciences, Senior Researcher (ORCID 0000-0003-1184-3188), **Gaynutdinova E.R.** – Postgraduate Student, Researcher (ORCID 0000-0002-2970-1500); **Fattakhova Z.F.** – Candidate of Biological Sciences, Senior Researcher (ORCID 0000-0002-6083-2883)

Tatar Scientific Research Institute of Agriculture “Kazan Scientific Center of Russia Academy of Sciences

*natysafina@gmail.com

Financing: *The work was carried out according to a state assignment: «Improvement of complex domestic technologies of breeding, crop and livestock farming on the basis of identification of high-value genotypes, molecular-genetic methods, biotechnology, design of adaptive and highly productive agrobiocoenosis and agroecosystems for the production of ecological and functional products. Registration number: 125031003428-9».*

ABSTRACT

The study is devoted to assessing the effect of *SELP_{ex8}* gene polymorphism (*Val475Met*) on genetic parameters, productive and reproductive performance of Holstein cattle. The *SELP_{ex8}* gene encoding P-selectin, plays a key role in immune and inflammatory processes, and is also involved in the formation of reproductive function. The research involved genotyping 258 cows from the Lenin Breeding Farm Integrated Agricultural Production Center (IAPC), and 67 sires of the Parent breeding enterprise Elite (SC GPP), Vysokogorsky District, Republic of Tatarstan. As a result of identifica-

tion, it was found that the G allele predominates in both tested groups: 0.835 and 0.791 in cows and bulls, respectively. Genotype distribution among cows was: GG - 69.0%, GA - 29.1 and AA - 1.9 %. No AA genotypes were detected in bulls, with GG at 58.2% and GA at 41.8% Association analysis demonstrated that AA genotype animals achieved record milk yields but showed elevated somatic cell counts, reduced fertility, and shorter period of economic use. GA genotype animals exhibited significantly ($p \leq 0.05 \dots 0.01$) higher milk fat and protein content (both percentage and yield), along with superior reproductive performance and longevity compared to other genotypes. The obtained data highlight the potential of the *SELP_{ex8}* gene as a genetic marker for selection programs aimed at improving the health, productivity and longevity of dairy cattle. The study was carried out within the framework of the state assignment, registration number 125031003428-9.

СПИСОК ИСТОЧНИКОВ

1. Safina N.Y. Combination of polymorphism of the TFAM gene with growth dynamics, milk productivity and reproductive characteristics of cow-heifers / N.Y. Safina, T.M. Akhmetov, S.K. Shakirov et al. // Research Journal of Pharmaceutical, Biological and Chemical Sciences. – 2018. – Vol. 9, No. 6. – P. 1528-1537.
2. Санова З.С. Сравнительная оценка молочной продуктивности коров разных генотипов / З. С. Санова // Вестник аграрной науки. – 2022. – № 4(97). – С. 52-56. DOI 10.17238/issn2587-666X.2022.4.52
3. Гайнутдинова Э.Р. Совместимость молочной продуктивности и воспроизводительной способности коров-первотелок голштинской породы / Э.Р. Гайнутдинова, Н.Ю. Сафина, Ш.К. Шакиров // Вестник Казанского государственного аграрного университета. – 2020. – Т. 15, № 2 (58). – С. 5-9.
4. Сафина Н.Ю. Идентификация полиморфизма гена *APAF1* и его ассоциации с хозяйственно-полезными признаками голштинского скота / Н.Ю. Сафина, Е.Н. Муханина, Ш.К. Шакиров и др. // Международный вестник ветеринарии. – 2024. – № 2. – С. 307-314. DOI 10.52419/issn2072-2419.2024.2.307
5. Фаттахова З.Ф. ДНК-тестирование полиморфизма гена *SELP_{ex8}* в популяции голштинского скота / З.Ф. Фаттахова, Н.Ю. Сафина, Э.Р. Гайнутдинова и др. // Достижения и перспективы развития АПК России : Материалы XIII Всероссийской научно-практической конференции молодых ученых, посвященной памяти Р.Г. Гареева, Казань, 30–31 марта 2023 года. – Казань: Академия наук Республики Татарстан, 2023. – С. 477-479. DOI 10.37071/conferencearticle.6581733e073c36.86636848
6. Kaur R. Structural and functional impact of SNPs in P-selectin gene: A comprehensive in silico analysis / R. Kaur, J. Singh, M. Kaur // Open Life Sci. – 2017. – Vol. 12. – P. 19–33. DOI 10.1515/biol-2017-0003
7. Dusza M. L-selectin gene polymorphism and its association with clinical mastitis, somatic cell score, and milk production in Polish Holstein-Friesian cattle / M. Dusza, J. Pokorska, J. Makulska et al. // Czech J. Anim. Sci. – 2018. – Vol. 63(7). – P. 256–262. DOI 10.17221/96/2017-CJAS
8. Gutiérrez-Reinoso M.A. Genomic and Phenotypic Udder Evaluation for Dairy Cattle Selection: A Review / M.A. Gutiérrez-Reinoso, P.M. Aponte, M. García-Herreros // Animals. – 2023. – Vol. 13. – Art. 1588. DOI 10.3390/ani13101588
9. Chen X. Combining Genome Wide Association Studies and Differential Gene Expression Data Analyses Identifies Candidate Genes Affecting Mastitis Caused by Two Different Pathogens in the Dairy Cow / X. Chen, Zh. Cheng, Sh. Zhang et al. // Open Journal of Animal Sciences. – 2015. – Vol. 5. – P. 358-393. DOI 10.4236/ojas.2015.54040
10. Chen X. Bovine P-selectin mediates leukocyte adhesion and is highly polymorphic in dairy breeds / X. Chen, Zh. Cheng, D. Werling et al. // Research in Veterinary Science. – 2016. – Vol. 108. – P. 85–92. DOI 10.1016/j.rvsc.2016.08.004

11. De Camargo G.M.F. Prospecting major genes in dairy buffaloes / G.M.F. de Camargo, R.R. Aspilcueta-Borquis, M.R.S. Fortes et al. // *BMC Genomics*. – 2015. – Vol. 16. – Art. 872 DOI 10.1186/s12864-015-1986-2
12. Ураков А.Л. Особенности экспрессии Р-селектина и агрегации тромбоцитов под действием лекарственных препаратов / А.Л. Ураков, А.В. Самородов, Ф.Х. Камиллов и др. // *Фармация*. – 2017. – Т. 66, № 3. – С. 43-46.
13. Chen X. Polymorphisms in the selectin gene cluster are associated with fertility and survival time in a population of Holstein Friesian cows / X. Chen, S. Zhang, Z. Cheng et al. // *PLoS One*. – 2017. – Vol. 12(4). Art. e0175555. DOI 10.1371/journal.pone.0175555
14. Shirasuna K. Rapid accumulation of polymorphonuclear neutrophils in the corpus luteum during prostaglandin F(2alpha)-induced luteolysis in the cow. / K. Shirasuna, S. Jientaweewoon, S. Raddatz et al. // *PLoS One*. – 2012. – Vol. 7(1). – Art. e29054. DOI 10.1371/journal.pone.0029054
15. Gautier M. Syntenic assignment of the selectin P gene (SELP) to bovine chromosome 16 / M. Gautier, P. Laurent, A. Eggen // *Animal Genetics*. – 2000. – Vol. 31 (5). – P. 343–344.
16. Sodeland M. Quantitative Trait Loci for Clinical Mastitis on Chromosomes 2, 6, 14 and 20 in Norwegian Red Cattle / M. Sodeland, M.P. Kent, H.G. Olsen et al. // *Animal Genetics*. – 2011. – Vol. 42. – P. 457–465. DOI 10.1111/j.1365-2052.2010.02165.x
- REFERENCES**
1. Safina N.Y., Akhmetov T.M., Shakirov S.K., Khaertdinov R.A., Shaidullin R.R., Sofronov V.G., Danilova N.I. Combination of polymorphism of the TFAM gene with growth dynamics, milk productivity and reproductive characteristics of cow-heifers // *Research Journal of Pharmaceutical, Biological and Chemical Sciences*. 2018. – 1537.
2. Sanova Z.S. Comparative assessment of milk productivity of cows of different genotypes Bulletin of agrarian science. 2022. 4 (97):52-56. DOI 10.17238/issn2587-666X.2022.4.52
3. Gaynutdinova E.R., Safina N.Yu., Shakirov Sh.K. Compatibility of dairy productivity and reproductive capacity of Holstein breed cows // *Vestnik of Kazan State Agrarian University*. 2020. 15, 2(58):5-9.
4. Safina N.Yu., Mukhanina E.N., Shakirov Sh.K., Gaynutdinova E.R. Identification of genetic polymorphism of the APAF1 gene and its association of with economic traits of Holstein cattle // *International Journal of Veterinary Medicine*. 2024. 2:307-314. DOI 10.52419/issn2072-2419.2024.2.307
5. Fattakhova Z.F., Safina N.Yu., Gaynutdinova E.R., Shakirov Sh.K. DNA testing of SELPex8 gene polymorphism in a population of Holstein cattle // *Achievements and development prospects of the Russian agro-industrial complex: Proceedings of the XIII All-Russian scientific and practical conference of young scientists dedicated to the memory of R.G. Gareev, Kazan, March 30–31, 2023*. 477-479. DOI 10.37071/conferencearticle_6581733e073c36.86636848
6. Kaur R., Singh J., Kaur M. Structural and functional impact of SNPs in P-selectin gene: A comprehensive in silico analysis // *Open Life Sci*. 2017. 12:19–33. DOI 10.1515/biol-2017-0003
7. Dusza M., Pokorska J., Makulska J., Kulaj D., Cupial M. L-selectin gene polymorphism and its association with clinical mastitis, somatic cell score, and milk production in Polish Holstein-Friesian cattle. *Czech J. Anim. Sci*. 2018. 63(7): 256–262. DOI 10.17221/96/2017-CJAS
8. Gutiérrez-Reinoso M.A., Aponte P.M., García-Herreros M. Genomic and Phenotypic Udder Evaluation for Dairy Cattle Selection: A Review // *Animals*. 2023. 13:1588. DOI 10.3390/ani13101588
9. Chen X., Cheng Zh., Zhang Sh., Werling D., Wathes D.C. Combining Genome Wide Association Studies and Differential Gene Expression Data Analyses Identifies Candidate Genes Affecting Mastitis Caused by Two Different Pathogens in the Dairy Cow //

- Open Journal of Animal Sciences. 2015. 5:358-393. DOI 10.4236/ojas.2015.54040
10. Chen X., Cheng Zh., Werling D., Pollott G.E., Salavati M., Johnson K.F., Khan F.A., Wathes D.C., Zhang Sh. Bovine P-selectin mediates leukocyte adhesion and is highly polymorphic in dairy breeds // *Research in Veterinary Science*. 2016. 108:85–92. DOI 10.1016/j.rvsc.2016.08.004
11. De Camargo G.M.F., Aspilcueta-Borquis R.R., Fortes M.R.S., Porto-Neto R., Cardoso D.F., Santos D.J.A., Lehnert S.A., Reverter A., Moore S.S., Tonhati H. Prospecting major genes in dairy buffaloes // *BMC Genomics*. 2015. 16:872 DOI 10.1186/s12864-015-1986-2
12. Urakov A.L., Samorodov A.V., Kamilov F.Kh., Mustafin I.G., Khaliullin F.A. P-selectin expression of and platelet aggregation under the action of drugs // *Pharmacy*. 2017. 66(3):43-46.
13. Chen X., Zhang S., Cheng Z., Cooke J.S., Werling D., Wathes D.C., Pollott G.E. Polymorphisms in the selectin gene cluster are associated with fertility and survival time in a population of Holstein Friesian cows // *PLoS One*. 2017. 12(4): e0175555. DOI 10.1371/journal.pone.0175555
14. Shirasuna K., Jiemtaweeboon S., Raddatz S., Nitta A., Schuberth H.J., Bollwein H., Shimizu T., Miyamoto A. Rapid accumulation of polymorphonuclear neutrophils in the corpus luteum during prostaglandin F (2alpha)-induced luteolysis in the cow. *PLoS One*. 2012. 7(1):e29054. DOI 10.1371/journal.pone.0029054
15. Gautier M., Laurent P., Eggen A. Syntenic assignment of the selectin P gene (SELP) to bovine chromosome 16 // *Animal Genetics*. 2000. 31(5):343–344.
16. Sodeland M., Kent M.P., Olsen H.G., Opsal M.A., Svendsen M. Quantitative Trait Loci for Clinical Mastitis on Chromosomes 2, 6, 14 and 20 in Norwegian Red Cattle // *Animal Genetics*. 2011. 42:457-465. DOI 10.1111/j.1365-2052.2010.02165.x