

Определение взаимосвязи генотипов SNP с содержанием жирных кислот различной пространственной конфигурации в молоке коров

А. В. Степанов[✉], О. А. Быкова, О. В. Костюнина, С. Д. Пильникова
Уральский государственный аграрный университет, Екатеринбург, Россия
[✉]E-mail: alexeystepanow@mail.ru

Аннотация. Жирные кислоты в молочном жире имеют различные пространственные конфигурации. Длительное употребление транс-изомеров жирных кислот вызывает различные заболевания организма человека. Информация об уровне содержания ненасыщенных жирных кислот в трансконфигурации в составе молочного жира дает возможность использования этого признака в селекционной работе. Научная новизна заключается в изучении молекулярно-генетических механизмов регулирования количественного содержания жирных кислот и их транс-изомеров в жировой фракции молока коров. **Цель работы** – выявление аллельных вариантов SNP, ассоциированных с жирнокислотным составом молока коров и содержанием в нем транс-изомеров ненасыщенных жирных кислот. **Методы исследований.** Исследования проведены на коровах голштинизированной черно-пестрой породы. Изучен генетический профиль животных голштинизированной черно-пестрой породы, идентифицированы SNP, значимо ассоциированные с количественным и качественным содержанием жирных кислот и их транс-изомеров в жировой фракции молока коров. Жирнокислотный состав молока коров определяли с помощью мультипараметрического автоматического анализатора MilkoScan 7/Fossomatic 7 FT+ / DC. **Результаты. Проведено полногеномное генотипирование.** Достоверная разница между количеством жирных кислот и генотипами установлена только по 5 SNP. Установлено, что по четырем SNP наибольшие значения содержания жирных кислот и транс-изомеров были у гомозиготных генотипов ARS-BFGL-NGS-41348^{GG}; BTA-115852-no-rs^{AA}; BTV-00771463^{GG}; Нармар46159-BTA-70956^{TT}. Достоверная разница по содержанию в молоке транс-изомеров жирных кислот между генотипами обнаружена только по SNP ARS-BFGL-NGS-5502. Наибольшая массовая доля транс-изомеров ненасыщенных жирных кислот установлена в молочном жире коров с гетерозиготным генотипом AG, что составило 0,076 г / 100 г и было на 0,011 г / 100 г и 0,032 г / 100 г ($P \leq 0,01$) больше по сравнению с гетерозиготными генотипами GG и AA соответственно.

Ключевые слова: крупный рогатый скот, полногеномное генотипирование, жирные кислоты, транс-изомеры жирных кислот, ДНК-маркеры.

Для цитирования: Степанов А. В., Быкова О. А., Костюнина О. В., Пильникова С. Д. Определение взаимосвязи генотипов SNP с содержанием жирных кислот различной пространственной конфигурации в молоке коров // Аграрный вестник Урала. 2024. Т. 24, № 01. С. 108–118. DOI: 10.32417/1997-4868-2024-24-01-108-118.

Дата поступления статьи: 13.10.2023, **дата рецензирования:** 10.11.2023, **дата принятия:** 20.11.2023.

Determination of the relationship between SNP genotypes and the content of fatty acids of various spatial configurations in cow milk

A. V. Stepanov[✉], O. A. Bykova, O. V. Kostyunina, S. D. Pilnikova
Ural State Agrarian University, Ekaterinburg, Russia
[✉]E-mail: alexeystepanow@mail.ru

Abstract. Milk fat is the third main source of lipids for human nutrition. Fatty acids in milk fat have a heterogeneous composition due to differences in chain length, degree of saturation, etc. It has been scientifically proven that long-term consumption of trans-fatty acids causes various diseases of the human body; according to WHO recommendations, their maximum consumption should not exceed 1 % of total energy. A comprehensive study of the composition of fatty acids in cattle milk gives scientists the opportunity to use this trait in breeding work by selecting genotypes with a low content of trans-isomers and saturated fatty acids harmful to human health. **The scientific novelty** lies in the study of molecular genetic mechanisms for regulating the quantitative content of fatty acids and their trans-isomers in the fat fraction of cow's milk. **The purpose** of the work is to identify allelic variants of SNPs associated with the fatty acid composition of cow's milk and the content of trans isomers of unsaturated fatty acids in it. **Research methods.** The studies were carried out on cows of the Holstein black-and-white breed. The genetic profile of animals of the Holstein black-and-white breed was studied, SNPs significantly associated with the quantitative and qualitative content of fatty acids and their trans-isomers in the fat fraction of cow's milk were identified. The fatty acid composition of cows' milk was determined using a multiparameter automatic analyzer MilkoScan 7/Fossomatic 7 FT+ / DC (FOSS, Denmark). **Results.** Whole-genome genotyping was performed. Analyzing the content of fatty acids with different saturation of hydrogen bonds, a significant difference between the amount of fatty acids and genotypes, reliable values were established only for 5 SNPs. It was found that for four SNPs, the highest values of the content of fatty acids and trans-isomers were in homozygous genotypes ARS-BFGL-NGS-41348GG; BTA-115852-no-rsAA; BTB-00771463GG; Hapmap46159-BTA-70956TT. A significant difference in the content of trans-fatty acid isomers in milk between genotypes was found only for SNP ARS-BFGL-NGS-5502. The largest mass fraction of trans-isomers of unsaturated fatty acids was found in the milk fat of cows with the heterozygous genotype AG, which amounted to 0.076 g / 100 g and was 0.011 g / 100 g and 0.032 g / 100 g ($P \leq 0.01$) more compared to heterozygous genotypes GG and AA, respectively.

Keywords: cattle, genome-wide genotyping, fatty acids, trans isomers of fatty acids, DNA markers.

For citation: Stepanov A. V., Bykova O. A., Kostyunina O. V., Pilnikova S. D. Opredelenie vzaimosvyazi genotipov SNP s содержанием жирных кислот различной пространственной конфигурации в молоке коров [Determination of the relationship between SNP genotypes and the content of fatty acids of various spatial configurations in cow milk] // Agrarian Bulletin of the Urals. 2024. Vol. 24, No. 01. Pp. 108–118. DOI: 10.32417/1997-4868-2024-01-108-118 (In Russian.)

Date of paper submission: 13.10.2023, **date of review:** 10.11.2023, **date of acceptance:** 20.11.2023.

Постановка проблемы (Introduction)

На долю жировой фазы в молоке крупного рогатого скота приходится от 3 до 5 %. Липиды молочного жира, как и растительного, с точки зрения химического строения представлены по большей части трехзамещенными сложными эфирами глицерина, предельных и непредельных жирных кислот. В составе молочного жира присутствуют небольшие количества свободных жирных кислот, фосфолипидов, гликолипидов, стерина, каротина и витаминов [1].

Жирнокислотный состав жировой фазы молока имеет неоднородное строение в связи с различным количеством атомов в углеродной цепи кислоты, степени их насыщения водородом и положения

связывания на глицериновом остове, что оказывает значительное влияние на консистенцию молочного жира и температуру его плавления. Различия в температурах плавления среди молочных продуктов, которые находятся в диапазоне от -40 до 40°C [2; 3], являются типичным результатом неоднородности состава молочного жира. Разнообразие жирных кислот также позволило модифицировать функциональные свойства молока и молочных продуктов, что привело к появлению на рынке разнообразных продуктов.

Молочный жир содержит в своем составе большое количество различных жирных кислот. Однако в наиболее значимых количествах присутствуют только 16 жирных кислот, и они определяют физи-

ческие свойства молочного жира, включая температуру его плавления и затвердевания, содержание твердой фазы, а также твердость и растекаемость получаемого сливочного масла.

Молочный жир богат высшими насыщенными жирными кислотами (SFAS), на долю которых приходится 50–60 % от общего количества FAS. Соотношение короткоцепочечных (C4–C10) и среднецепочечных (C12–C14) FAS также относительно высоки в MF. Содержание мононенасыщенных и полиненасыщенных ЖК в МЖ колеблется от 26 до 36 % и от 2 до 4 % соответственно [4].

Качественный и количественный состав молочного жира крупного рогатого скота находится в прямой зависимости от факторов как генетических, так и фенотипических, в том числе обусловлен породой животных, стадией лактации, физиологическим состоянием, интенсивностью рубцового пищеварения, составом и сбалансированностью рациона, количеством в нем клетчатки и энергии, диетических жиров, а также сезонными и региональными эффектами. В среднем жировая фаза молока содержит около семидесяти процентов предельных и тридцати процентов непредельных жирных кислот.

В настоящее время одной из актуальнейших задач молочного скотоводства является увеличение удою при сохранении высоких качественных показателей молока, характеризующих питательную ценность и технологическую пригодность к переработке, а также массовые доли жира и белка. В связи с этим наряду с традиционным отбором животных по удою, содержанию жира и белка особый интерес представляет определение ДНК-маркеров, ассоциированных с концентрацией в молоке жирных кислот различной конфигурации. Полученные данные позволяют вести селекцию животных по жирнокислотному составу молока, в частности, содержанию в молоке полиненасыщенных жирных кислот и их транс-изомеров, которые могут оказаться причиной многих тяжелых заболеваний человека [5].

Изучение влияния различных генов на содержание жирных кислот и синтез триглицеридов в молоке млекопитающих в последнее время вызывает интерес как российских, так и иностранных исследователей. Так, Fangting Zhou с соавторами (2023) получены данные, что ген AGPAT6 играет решающую роль в пути синтеза триглицеридов (ТГ) у млекопитающих. Он участвует в синтезе ТГ у крупного рогатого скота и влияет на экспрессию основных генов, связанных с транспортом и активацией жирных кислот (ЖК), синтезом ТГ и регуляцией транскрипции, окислением ЖК и деградацией ТГ в процессе липогенеза молока [6].

Китайскими учеными установлено влияние гена ARID1A на синтез молочного жира в эпителиальных клетках молочной железы крупного рогатого скота. Кроме того, в ходе проведения исследований

было выявлено стимулирующее действие на ген ARID1A метионина [7].

Потенциал последних разработок в области биологического вмешательства посредством диетических манипуляций с профилями жирных кислот молока у крупного рогатого скота также является многообещающим [8].

Идентификация генов и полиморфизмов, лежащих в основе количественных признаков, и понимание того, что эти гены и полиморфизмы влияют на показатели экономического роста, важны для успешного отбора с помощью маркеров и более эффективных стратегий управления товарной популяцией крупного рогатого скота [9].

В течение последних лет во всем мире остается актуальной проблема нормирования в продуктах, в том числе животного происхождения, содержания ненасыщенных жирных кислот в трансконфигурации. В нашей стране нет нормативных документов, четко регламентирующих допустимый уровень этих соединений в сыром молоке коров [10].

Транс-изомеры ненасыщенных жирных кислот поступают в молоко коров при его синтезе в молочной железе, при переработке молока переходят в неизменном виде в молочные продукты, которые становятся одним из источников поступления в организм человека ненасыщенных жирных кислот в трансконфигурациях [11].

Воздействие ТЖК на здоровье человека, как правило, варьируется в зависимости от их типа, структуры, состава и происхождения. Несмотря на широкое обсуждение неблагоприятного воздействия промышленных ТЖК на здоровье, воздействие природных ТЖК на здоровье все еще остается мало доказанным и требует глубокого изучения [12].

Безусловно, жирные кислоты молочного жира считаются важными пищевыми компонентами рациона значительной части населения земли и существенно влияют на здоровье человека. Что касается молочного производства, то изомеры жирных кислот также рассматриваются как важный фактор технологического качества сырого молока. В этом смысле целенаправленное регулирование соотношения изомеров жирных кислот потенциально может внести значительный вклад в производство молочных продуктов с более высокой добавленной стоимостью [13; 14].

Несомненно, актуальным является исследование состава молочного жира с целью выявления генетических механизмов, участвующих в процессе образования транс-изомеров ненасыщенных жирных кислот и установления его технологической пригодности при переработке [15–21].

И. А. Лашнева с соавторами (2019) установили влияние уровня содержания транс-изомеров жирных кислот в молоке коров на их продуктивные показатели и пришли к выводу, что использование

транс-изомеров как потенциальных биомаркеров состава молока позволит принимать более точные решения по оценке влияния паратипических факторов и менеджмента в стаде для реализации генетического потенциала животных [22].

В связи с выше изложенным возникает необходимость изучения генетического профиля крупного рогатого скота и идентификации SNP, значимо ассоциированных с жирнокислотным составом молока коров и количественным содержанием в нем отдельных ненасыщенных жирных кислот в транс-конфигурации.

Методология и методы исследования (Methods)

Исследования проведены в АО «Каменское» на коровах голштинизированной черно-пестрой породы. От животных опытной группы осуществляли отбор крови в вакуумные пробирки, содержащие консервант КЗ ЭДТА. Выделение ДНК и последующее генотипирование выполняли в центре геномной селекции компании ООО «Мираторг-Генетика».

Полногеномное генотипирование проводили с использованием чипов GGP Bovine 50K. Для проведения GWAS-исследований использовали пакет Garit v.3. Проводили анализ качественного и

количественного содержания в жировой фракции молока коров летучих жирных кислот, доли транс-изомеров ненасыщенных жирных кислот с различными аллельными вариантами полиморфизмов, показавших наибольшую значимость при GWAS-исследовании. Использовали названия SNP, указанные в файле manifest для чипа, с помощью которого проводили исследования.

Частоту встречаемости генотипов анализируемых генов рассчитывали путем отношения количества коров из числа носителей генотипа к общему числу животных в исследуемой группе.

Обработку полученных в эксперименте данных проводили в программах Microsoft Excel, Biostatistics при расчете основных статистических и биометрических показателей.

Результаты (Results)

На современном этапе селекционно-племенной работы с крупным рогатым скотом все большее значение придается оценке взаимосвязи хозяйственно полезных признаков с частотой проявления в конкретной популяции генотипов ассоциированных с этими признаками генов. При этом передача генов потомству зависит от гетерозиготности или гомозиготности генотипа родителей (рис. 1–5)

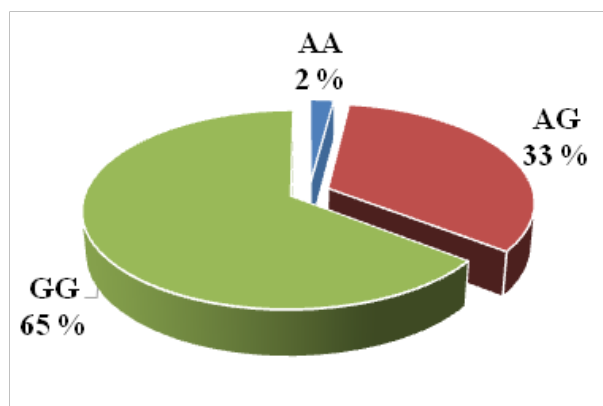


Рис. 1. Частота встречаемости генотипов ARS-BFGL-NGS-41348

Fig. 1. Frequency of occurrence of SNP genotypes ARS-BFGL-NGS-41348

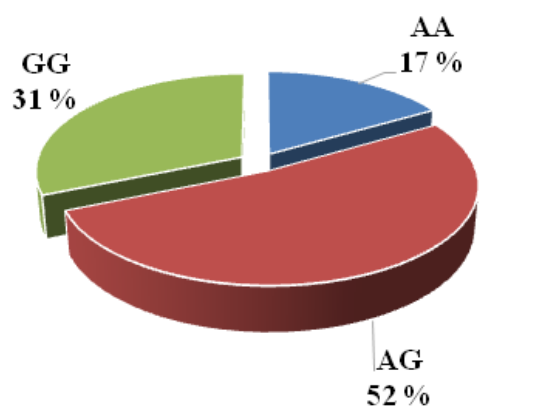


Рис. 2. Частота встречаемости генотипов ARS-BFGL-NGS-5502

Fig. 2. Frequency of occurrence of SNP genotypes ARS-BFGL-NGS-5502

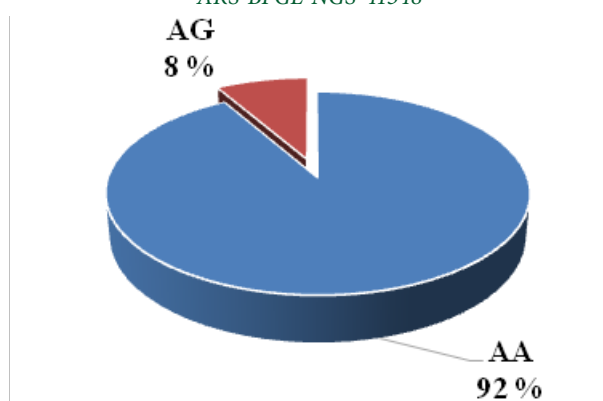


Рис. 3. Частота встречаемости генотипов BTA-115852-no-rs

Fig. 3. Frequency of occurrence of SNP genotypes BTA-115852-no-rs

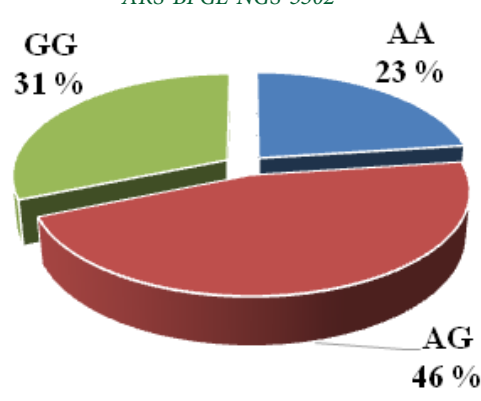


Рис. 4. Частота встречаемости генотипов BTB-00771463

Fig. 4. Frequency of occurrence of SNP genotypes BTB-00771463

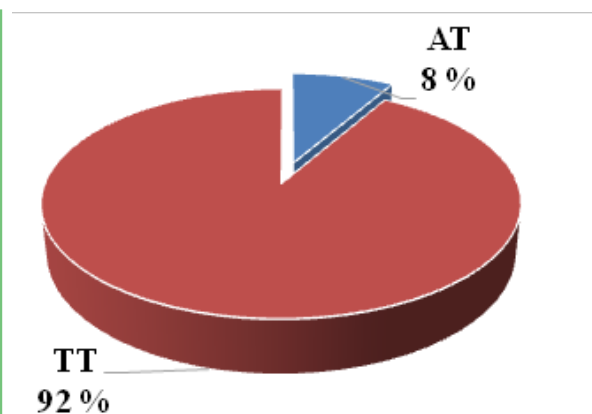


Рис. 5. Частота встречаемости генотипов Нарmap46159-BTA-70956

Fig. 5. Frequency of occurrence of SNP genotypes Narmap46159-BTA-70956

Согласно распределению генотипов, имеющих достоверные показатели разницы с содержанием жирных кислот и транс-изомеров по двум SNP: BTA-115852-no-rs и Нарmap46159-BTA-70956, установлено наличие только двух генотипов – гетерозиготного и одного гомозиготного. При этом наибольшую долю в обоих случаях составлял гомозиготный генотип – 92 %.

По трем SNP обнаружены 3 генотипа. По SNP ARS-BFGL-NGS-5502 и ВTB-00771463 преобладали гетерозиготные генотипы (AG) с долями 52 и 46 % соответственно. По SNP ARS-BFGL-NGS-41348 также обнаружено 3 генотипа, однако количество животных с гомозиготным генотипом AA было незначительным, что не позволило провести статистическую обработку, при этом наибольшая доля гомозиготного генотипа GG отмечена у 65 % животных.

Уровень содержания жирных кислот в молоке коров в зависимости от насыщенности углеродных связей водородом представлен на рис. 6.

Содержание насыщенных жирных кислот в составе жировой фракции молока (рис. 6) было максимальным и составило 1,912 г / 100 г. Концентрация мононенасыщенных жирных кислот была в 2,6 раза меньше этого значения (0,722 г / 100 г). Массовые доли полиненасыщенных жирных кислот и транс-изомеров непредельных жирных кислот имели незначительные величины (0,093 и 0,067 г / 100 г).

Анализ содержания жирных кислот с различной насыщенностью водородных связей, транс-изомеров ненасыщенных жирных кислот и их связи с генотипами рассматриваемых SNP демонстрирует определенную разницу, в некоторых случаях имеющую достоверное значение (таблица 1).

При рассмотрении динамики изменения содержания жирных кислот и их транс-изомеров по исследуемым SNP наибольшие значения по всем исследуемым показателям отмечены у животных с генотипами ARS-BFGL-NGS-41348^{GG}, BTA-

115852-no-rs^{AA}, ВTB-00771463^{GG}, Нарmap46159-BTA-70956^{TT}, ARS-BFGL-NGS-5502^{AG}.

Результаты проведенных исследований свидетельствуют о том, что наибольшую долю в жирнокислотном составе молока коров занимают насыщенные жирные кислоты. Уровни их содержания в молочном жире исследуемого поголовья крупного рогатого скота с различными генотипами SNP отличаются, а значения концентраций находятся в диапазоне от 2,658 до 1,256 г / 100 г. Практически по всем SNP установлена достоверная разница между максимальным и минимальным значениями данного показателя. Так, уровень содержания насыщенных жирных кислот в молоке коров с гомозиготным генотипом GG по SNP ARS-BFGL-NGS-41348 составил 2,171 г / 100 г, что было в 1,49 раза выше при $p \leq 0,01$ по сравнению с молоком коров, обладающих гетерозиготным генотипом AG. Животные с гомозиготным генотипом AA по SNP BTA-115852-no-rs превосходили по количеству насыщенных жирных кислот в составе молочного жира животных с гетерозиготным генотипом AG при $p \leq 0,05$ на 26 %. Величина данного показателя у животных с гомозиготным генотипом TT по SNP Нарmap46159-BTA-70956 была выше по сравнению с животными носителями генотипа Нарmap46159-BTA-70956^{AT} в 1,57 раза при $p \leq 0,001$.

Концентрация насыщенных жирных кислот в жировой фракции молока коров с гомозиготным генотипом GG по SNP ВTB-00771463 превышала при $p \leq 0,05$ их уровень в молоке коров с генотипами ВTB-00771463^{AG} и ВTB-00771463^{AA} в 1,59 и 1,94 раза соответственно. По SNP ARS-BFGL-NGS-5502 максимальное содержание насыщенных жирных кислот установлено в молочном жире у коров с гетерозиготным генотипом AG, что составило 2,032 г / 100 г и превосходило значение данного показателя у животных с генотипом GG на 4,4 %, с генотипом AA – в 1,38 раза.

Согласно полученным данным, количество мононенасыщенных жирных кислот в молоке коров с различными генотипами по исследуемым SNP изменялось в диапазоне от 0,515 до 0,959 г / 100 г, при этом наименьшее значение отмечено по SNP Нарmap46159-BTA-70956, наибольшее – по SNP ВTB-00771463.

Количество мононенасыщенных жирных кислот в молоке коров исследуемого поголовья характеризуется средним значением по сравнению с насыщенными и полиненасыщенными кислотами. Максимальная концентрация мононенасыщенных жирных кислот в составе жировой фракции молока установлена у животных носителей гомозиготного генотипа SNP ВTB-00771463^{GG} – 0,959 г / 100 г, что в 1,5 раза превышает содержание их в молоке коров с гетерозиготным генотипом ВTB-00771463^{AG} и в 1,71 раза – с гомозиготным генотипом ВTB-00771463^{AA}.

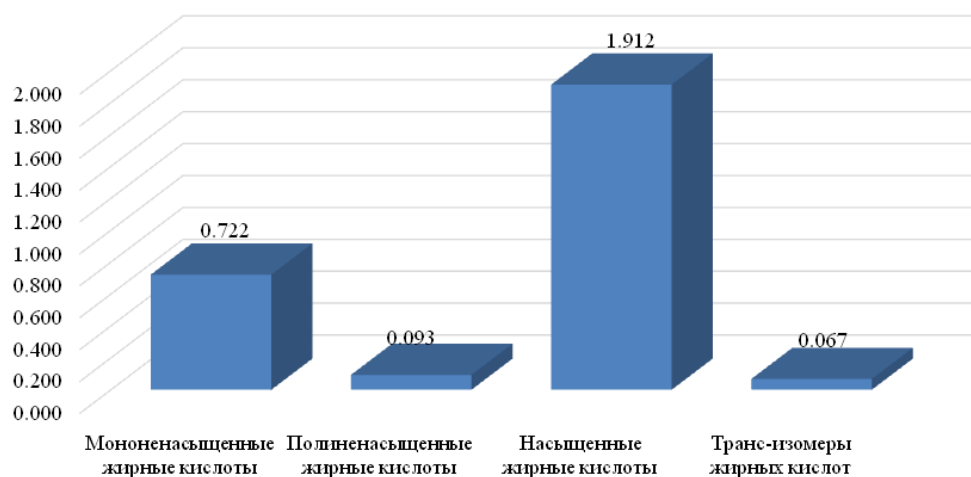


Рис. 6. Среднее количество жирных кислот в молоке коров, г / 100 г

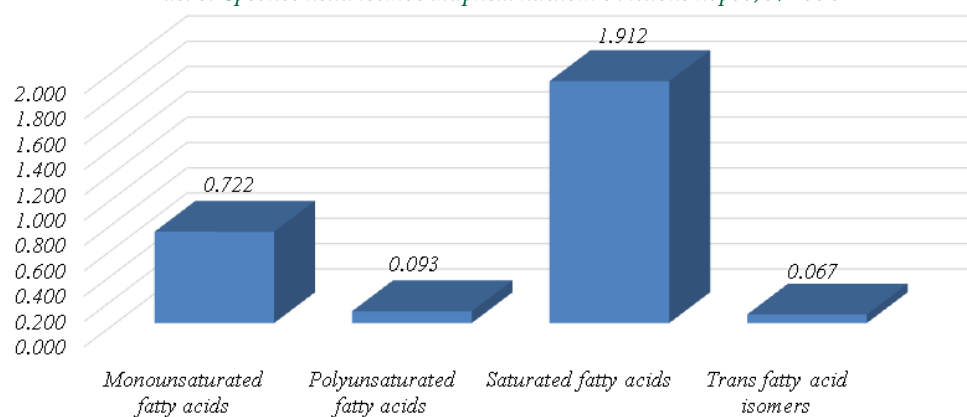


Fig. 6. Average amount of fatty acids in cow's milk, g / 100 g

По данному признаку установлено превосходство животных с гомозиготными генотипами по SNP ARS-BFGL-NGS-41348, BTB-00771463 и Нармар46159-BTA-70956, с гетерозиготным генотипом по SNP ARS-BFGL-NGS-5502. Разница в 31,9 % была достоверна при $p \leq 0,05$ для животных с генотипом ARS-BFGL-NGS-41348^{GG} с коровами носителями ARS-BFGL-NGS-41348^{AG}. Уровень содержания мононенасыщенных жирных кислот в молоке коров с генотипом ARS-BFGL-NGS-5502^{AG} был выше, чем у аналогов с генотипами GG и AA при $p \leq 0,05$ на 6,8 и 39 % соответственно. В молоке коров с генотипом BTB-00771463^{GG} концентрация летучих жирных кислот с одной двойной связью была выше относительно животных с генотипами AA и AG при $p \leq 0,05$ в 1,71 и 1,50 раза. По SNP Нармар46159-BTA-70956 животные с генотипом TT по величине данного показателя превосходили коров с генотипом AT на 43,7 % при $p \leq 0,001$.

Содержание полиненасыщенных жирных кислот в молоке коров рассматриваемого поголовья было закономерно ниже уровня насыщенных и мононенасыщенных жирных кислот и находилось в диапазоне от 0,074 до 0,116 г / 100 г. При этом прослеживалась такая же закономерность их рас-

пределения по генотипам SNP, как и при анализе SNP, ассоциированных с содержанием в молоке насыщенных и мононенасыщенных жирных кислот. Так, по SNP ARS-BFGL-NGS-41348, BTA-115852-no-rs, BTB-00771463 и Нармар46159-BTA-70956 наибольшее количество коров имело гомозиготные генотипы, и только по SNP ARS-BFGL-NGS-5502 основная масса животных представлена носителями гетерозиготного генотипа AG.

Самая высокая концентрация полиненасыщенных жирных кислот в молочном жире установлена по SNP BTB-00771463 у коров с генотипом GG, что было на 43,2 и 38,1 % выше относительно генотипов AA и AG. Наиболее низкий уровень содержания этих составляющих жировой фазы молока отмечен по SNP ARS-BFGL-NGS-5502 у животных с генотипом AA. Достоверная разница по величине данного показателя была выявлена по SNP Нармар46159-BTA-70956 между генотипами животных TT и AT. У коров – носителей генотипа Нармар46159-BTA-70956^{TT} массовая доля полиненасыщенных жирных кислот в молоке была выше на 25 % по сравнению с животными – носителями генотипа Нармар46159-BTA-70956^{AT}.

Таблица 1
Связь генотипов SNP с содержанием жирных кислот в зависимости от насыщенности водородных связей

Генотип	n	Мононенасыщенные жирные кислоты		Полиненасыщенные жирные кислоты		Насыщенные жирные кислоты		Транс-изомеры жирных кислот	
		X ± Sx	Cv	X ± Sx	Cv	X ± Sx	Cv	X ± Sx	Cv
ARS-BFGL-NGS-41348	AA	-	-	-	-	-	-	-	-
	AG	0,601 ± 0,031	20,63	0,083 ± 0,003	14,80	1,460 ± 0,088	24,02	0,059 ± 0,005	35,20
	GG	0,793 ± 0,076*	53,51	0,099 ± 0,007	42,01	2,171 ± 0,226**	57,97	0,073 ± 0,008	62,97
ARS-BFGL-NGS-5502	AA	0,556 ± 0,039	20,09	0,074 ± 0,006	23,82	1,468 ± 0,156	30,08	0,044 ± 0,007	45,73
	AG	0,773 ± 0,085*	55,21	0,098 ± 0,008*	41,96	2,032 ± 0,246	60,44	0,076 ± 0,009**	57,96
	GG	0,724 ± 0,081	43,14	0,095 ± 0,007*	29,03	1,949 ± 0,275	54,56	0,065 ± 0,009	53,82
BTA-115852-no-rs	AA	0,733 ± 0,056	51,02	0,094 ± 0,005	38,35	1,946 ± 0,170*	57,93	0,068 ± 0,006	59,74
	AG	0,593 ± 0,043	14,36	0,081 ± 0,005	13,53	1,539 ± 0,093	12,18	0,057 ± 0,011	37,76
	AA	0,560 ± 0,043	25,62	0,081 ± 0,003	12,07	1,37 ± 0,119	28,84	0,061 ± 0,008	44,49
BTB-00771463	AG	0,640 ± 0,031	22,66	0,084 ± 0,003	19,23	1,674 ± 0,102	28,49	0,057 ± 0,005	38,79
	GG	0,959 ± 0,141*	57,05	0,116 ± 0,014*	46,05	2,658 ± 0,415**	60,50	0,088 ± 0,015	65,69
	AT	0,515 ± 0,024	9,53	0,076 ± 0,004	10,89	1,256 ± 0,077	12,33	0,062 ± 0,015	49,48
TT	0,740 ± 0,056***	50,11	0,095 ± 0,005**	38,00	1,972 ± 0,168***	56,52	0,068 ± 0,006	59,66	

Table 1
Relationship between SNP genotypes and fatty acid content depending on the saturation of hydrogen bonds

SNP	Genotype	n	Monounsaturated fatty acids		Polyunsaturated fatty acids		Saturated fatty acids		Trans fatty acid isomers	
			X ± Sx	Cv	X ± Sx	Cv	X ± Sx	Cv	X ± Sx	Cv
ARS-BFGL-NGS-41348	AA	2	-	-	-	-	-	-	-	-
	AG	33	0,601 ± 0,031	20,63	0,083 ± 0,003	14,80	1,460 ± 0,088	24,02	0,059 ± 0,005	35,20
	GG	65	0,793 ± 0,076*	53,51	0,099 ± 0,007	42,01	2,171 ± 0,226**	57,97	0,073 ± 0,008	62,97
ARS-BFGL-NGS-5502	AA	17	0,556 ± 0,039	20,09	0,074 ± 0,006	23,82	1,468 ± 0,156	30,08	0,044 ± 0,007	45,73
	AG	52	0,773 ± 0,085*	55,21	0,098 ± 0,008*	41,96	2,032 ± 0,246	60,44	0,076 ± 0,009**	57,96
	GG	31	0,724 ± 0,081	43,14	0,095 ± 0,007*	29,03	1,949 ± 0,275	54,56	0,065 ± 0,009	53,82
BTA-115852-no-rs	AA	92	0,733 ± 0,056	51,02	0,094 ± 0,005	38,35	1,946 ± 0,170*	57,93	0,068 ± 0,006	59,74
	AG	8	0,593 ± 0,043	14,36	0,081 ± 0,005	13,53	1,539 ± 0,093	12,18	0,057 ± 0,011	37,76
	AA	23	0,560 ± 0,043	25,62	0,081 ± 0,003	12,07	1,370 ± 0,119	28,84	0,061 ± 0,008	44,49
BTB-00771463	AG	46	0,640 ± 0,031	22,66	0,084 ± 0,003	19,23	1,674 ± 0,102	28,49	0,057 ± 0,005	38,79
	GG	31	0,959 ± 0,141*	57,05	0,116 ± 0,014*	46,05	2,658 ± 0,415**	60,50	0,088 ± 0,015	65,69
	AT	8	0,515 ± 0,024	9,53	0,076 ± 0,004	10,89	1,256 ± 0,077	12,33	0,062 ± 0,015	49,48
TT	92	0,740 ± 0,056***	50,11	0,095 ± 0,005**	38,00	1,972 ± 0,168***	56,52	0,068 ± 0,006	59,66	

В целом по изучаемому поголовью величина значения коэффициента вариации по содержанию транс-изомеров ненасыщенных жирных кислот в составе молочного жира коров имела более высокие значения, чем по другим показателям, но при этом диапазон колебаний был более узким – от 35,20 до 65,69 г / 100 г. Доля транс-изомеров ненасыщенных жирных кислот составила 72,2 % от общего содержания ненасыщенных жирных кислот в молоке коров исследуемого поголовья. Наиболее высокий уровень содержания транс-изомеров ненасыщенных жирных кислот установлен в молоке коров с гомозиготным генотипом SNP ВТВ-00771463^{GG}, что составило 0,088 г / 100 г и было выше этого значения по сравнению с животными носителями генотипов SNP ВТВ-00771463^{AA} и SNP ВТВ-00771463^{AG} в 1,44 и 1,54 раза. В жировой фракции молока этих коров доля транс-изомеров составила 75,8 % от общего содержания ненасыщенных жирных кислот, также было наиболее высокое содержание полиненасыщенных, мононенасыщенных и насыщенных жирных кислот. Достоверные различия по содержанию в молоке коров транс-изомеров ненасыщенных жирных кислот выявлены только по SNP ARS-BFGL-NGS-5502. Так, наибольшее значение уровня транс-изомеров по данному SNP установлено в молоке коров с гетерозиготным генотипом AG и составило 0,076 г / 100 г, что на 0,011 и 0,032 г / 100 г ($p \leq 0,01$) больше по сравнению с животными носителями генотипов GG и AA соответственно.

Обсуждение и выводы (Discussion and Conclusion)

С целью определения взаимосвязи генотипов SNP с содержанием жирных кислот и транс-изомеров ненасыщенных жирных кислот в молоке коров были исследованы генотипы 55 SNP, при этом достоверные значения разницы продуктивных показателей между генотипами установлены толь-

ко по пяти: ARS-BFGL-NGS-41348; ARS-BFGL-NGS-5502; ВТА-115852-no-rs; ВТВ-00771463; Нармар46159-ВТА-70956. Анализ распределения генотипов показал, что из пяти SNP только у трех SNP выявлены три генотипа, у двух SNP по отобранному поголовью установлены только два гетерозиготных генотипа и один гомозиготный.

При анализе полученных данных установлена определенная взаимосвязь: так, по всем исследуемым SNP максимальные и минимальные значения моно-, полиненасыщенных и насыщенных жирных кислот определены в одних и тех же генотипах. Наибольшее значение как содержания жирных кислот, так и транс-изомеров ненасыщенных жирных кислот выявлено по SNP ВТВ-00771463.

Высокодостоверные показатели разницы содержания всех групп жирных кислот в молоке исследуемого поголовья получены по SNP Нармар46159-ВТА-70956. Так, количество моно-, полиненасыщенных и насыщенных жирных кислот в молоке коров с гомозиготным генотипом Нармар46159-ВТА-70956^{TT} превосходило уровень гетерозиготного генотипа Нармар46159-ВТА-70956^{AT} на 0,225 г / 100 г ($p \leq 0,001$), 0,019 г / 100 г ($p \leq 0,01$) и 0,716 г / 100 г ($p \leq 0,001$) соответственно.

По гену ARS-BFGL-NGS-5502 установлена статистически значимая разница по уровню содержания в молоке транс-изомеров жирных кислот. Коровы с генотипом ARS-BFGL-NGS-5502^{AG} достоверно превосходили животных с генотипами ARS-BFGL-NGS-5502^{AA} и ARS-BFGL-NGS-5502^{GG} по содержанию транс-изомеров в 1,7 ($p \leq 0,01$) и 1,2 раза соответственно.

Благодарности (Acknowledgements)

Исследования выполнены при поддержке Российского научного фонда, проект № 22-26-00196.

Библиографический список

1. Khalikova M. Consumer preferences for dairy fat-based products // Актуальные научные исследования в современном мире. 2021. № 12-8 (80). Pp. 42–46.
2. Badu M., Awudza A. J. Determination of the triacylglycerol content for the identification and assessment of purity of shea butter fat, peanut oil, and palm kernel oil using maldi-tof/tof mass spectroscopic technique // International Journal of Food Properties. 2017. No. 20 (2). Pp. 271–280.
3. Queirós M. S., Grimaldi R., Gigante M. L. Addition of Olein from Milk Fat Positively Affects the Firmness of Butter // Food Research International. 2016. No. 84. Pp. 69–75.
4. Małkowska M., Staniewski B., Ziajka J. Analyses of milk fat crystallization and milk fat fractions // International Journal of Food Properties. 2021. Vol. 24. No. 1. Pp. 325–336, DOI: 10.1080/10942912.2021.1878217.
5. Лашнева И. А., Сермягин А. А. Влияние наличия транс-изомеров жирных кислот в молоке на его состав и продуктивность коров // Достижения науки и техники АПК. 2020. Т. 34. № 3. С. 46–50. DOI: 10.24411/0235-2451-2020-10309.
6. Fangting Zhou, Jie Xue. Xi Shan. Lihua Qiu, Yongwang Miao Functional roles for AGPAT6 in milk fat synthesis of buffalo mammary epithelial cells // Animal Biotechnology. 2023. Vol. 34. No. 7. Pp. 2120–2131. DOI: 10.1080/10495398.2022.2077738.
7. Hao Qi, Gang Lin, Siqi Guo, Xudong Guo, Congying Yu, Minghui Zhang & Xuejun Gao. Met stimulates ARID1A degradation and activation of the PI3K-SREBP1 signaling to promote milk fat synthesis in bovine mammary epithelial cells // Animal Biotechnology. 2023. DOI: 10.1080/10495398.2023.2265167.

8. Mohan M. S., O'Callaghan T. F., Kelly P., Hogan S. A. Milk fat: opportunities, challenges and innovation // *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*. 2021. Vol. 61. No. 14. Pp. 2411–2443. DOI: 10.1080/10408398.2020.1778631.
9. Yong-Zhen Huang, Qin Wang; Chun-Lei Zhang, Xing-Tang Fang, En-Liang Song & Hong Chen Genetic Variants in SDC3 Gene are Significantly Associated with Growth Traits in Two Chinese Beef Cattle Breeds // *Animal Biotechnology*. 2016. Vol. 27. No. 3. Pp. 190–198, DOI: 10.1080/10495398.2016.1164178.
10. Mozaffarian D., Aro A., Willet W.C. Health effects of trans-fatty acids: Experimental and observational evidence // *European journal of clinical nutrition*. 2019. Vol. 63. Pp. S5–S21.
11. Qin Guo, Tian Li, Yang Qu, Manzhu Liang, Yiming Ha, Yu Zhang, Qiang Wang. New research development on trans fatty acids in food: Biological effects, analytical methods, formation mechanism, and mitigating measures // *Progress in Lipid Research*. 2023. Vol. 89. Article number 101199. DOI: 10.1016/j.plipres.2022.101199.
12. Pipoyan D., Stepanyan S., Stepanyan S., Beglaryan M., Costantini L., Molinari R., Merendino N. The Effect of Trans Fatty Acids on Human Health: Regulation and Consumption Patterns // *Foods*. 2021. No. 10 (10). Article number 2452. DOI: 10.3390/foods10102452.
13. Li C., Cobb L. K., Vesper H. W., Asma S. Global Surveillance of trans-Fatty Acids // *Preventing Chronic Disease*. 2019. No. 16. DOI: 10.5888/pcd16.190121.
14. Huang L., Federico E., Jones A., Wu J. H. Y. Presence of trans fatty acids containing ingredients in pre-packaged foods in Australia in 2018 // *Australian and New Zealand Journal of Public Health*. 2020. No. 44 (5). Pp. 419–420. DOI: 10.1111/1753-6405.13014.
15. Beak S. H., Lee Y., Lee E. B., Kim K. H., Kim J. G., Bok J. D., Kang S. K. Study on the fatty acid profile of phospholipid and neutral lipid in Hanwoo beef and their relationship to genetic variation // *Journal of Animal Science and Technology*. 2019. No. 61 (2). Pp. 69–76. DOI: 10.5187/jast.2019.61.2.69.
16. Li M., Gao Q., Wang M., Liang Y., Sun Y., Chen Z., Zhang H., Karrow N.A., Yang Z., Mao Y. Polymorphisms in Fatty Acid Desaturase 2 Gene Are Associated with Milk Production Traits in Chinese Holstein Cows // *Animals*. 2020. No. 10. Article number 671. DOI: 10.3390/ani10040671.
17. Cobanoglu O., Kul E., Gurcan E.K., Abaci S.H., Cankaya S. Determination of the association of GHR/AluI gene polymorphisms with milk yield traits in Holstein and Jersey cattle raised in Turkey // *Archives Animal Breeding*. 2021. No. 64 (2). Pp. 417–424. DOI: 10.5194/aab-64-417-2021.
18. Samková E., Čitek J., Brzáková M., Hanuš O., Večerek L., Jozová E., Hoštičková I., Trávníček J., Hasoňová L., Rost M., Hálová K., Špička J. Associations among Farm, Breed, Lactation Stage and Parity, Gene Polymorphisms and the Fatty Acid Profile of Milk from Holstein. Simmental and Their Crosses // *Animals*. 2021. No. 11. Article number 3284. DOI: 10.3390/ani11113284.
19. Zaalberg R. M., Shetty N., Janss L. et al. Genetic analysis of Fourier transform infrared milk spectra in Danish Holstein and Danish Jersey // *Journal of Dairy Science*. 2019. Vol. 102. Pp. 503–510. DOI: 10.3168/jds.2018-14464.
20. Jiang J., Ma L., Prakapenka D., VanRaden P. M., Cole J. B., Da Y. A Large-Scale Genome-Wide Association Study in U.S. Holstein Cattle // *Frontiers in Genetics*. 2019. DOI: 10.3389/fgene.2019.00412.
21. Pegolo S., Yu H., Morota G., Bisutti V., Rosa G.J.M., Bittante G., Cecchinato A. Structural equation modeling for unraveling the multivariate genomic architecture of milk proteins in dairy cattle // *Journal of Dairy Science*. 2021. No. 104 (5). Pp. 5705–5718. DOI: 10.3168/jds.2020-18321.
22. Лашнева И. А., Сермягин А. А., Елизарова И. В. [и др.] Показатели продуктивности коров в связи с уровнем транс-изомеров жирных кислот в молоке // *Повышение конкурентоспособности животноводства и задачи кадрового обеспечения: материалы XXV международной научно-практической конференции. Быково, 2019. С. 184–191.*

Об авторах:

Алексей Владимирович Степанов, кандидат сельскохозяйственных наук, доцент кафедры биотехнологии и пищевых продуктов, ORCID 0000-0002-8523-5938, AuthorID 694790; +7 912 692-03-31, alexystepanow@mail.ru

Ольга Александровна Быкова, доктор сельскохозяйственных наук, профессор кафедры биотехнологии и пищевых продуктов, ORCID 0000-0002-0753-1539, AuthorID 663503; +7 950 542-94-34, olbyk75@mail.ru

Ольга Васильевна Костюнина, доктор биологических наук, профессор кафедры биотехнологии и пищевых продуктов, ORCID 0000-0001-8206-3221, AuthorID 147325; +7 903 741-56-35, kostolan@yandex.ru

Уральский государственный аграрный университет, Екатеринбург, Россия

References

1. Khalikova M. Consumer preferences for dairy fat-based products // Actual scientific research in the modern world. 2021. No. 12-8 (80). Pp. 42–46.
2. Badu M., Awudza A. J. Determination of the triacylglycerol content for the identification and assessment of purity of shea butter fat, peanut oil, and palm kernel oil using maldi-tof/tof mass spectroscopic technique // International Journal of Food Properties. 2017. No. 20 (2). Pp. 271–280.
3. Queirós M. S., Grimaldi R., Gigante M. L. Addition of Olein from Milk Fat Positively Affects the Firmness of Butter // Food Research International. 2016. No. 84. Pp. 69–75.
4. Małkowska M., Staniewski B., Ziajka J. Analyses of milk fat crystallization and milk fat fractions // International Journal of Food Properties. 2021. Vol. 24. No. 1. Pp. 325–336, DOI: 10.1080/10942912.2021.1878217.
5. Lashneva I. A., Sermyagin A. A. Vliyaniye nalichiya transizomerov zhirnykh kislot v moloke na yego sostav i produktivnost' korov [The influence of the presence of trans-isomers of fatty acids in milk on its composition and productivity of cows] // Achievements of Science and Technology of AIC. 2020. Vol. 34. No. 3. Pp. 46–50. DOI: 10.24411/0235-2451-2020-10309. (In Russian.)
6. Fangting Zhou, Jie Xue. Xi Shan. Lihua Qiu, Yongwang Miao Functional roles for AGPAT6 in milk fat synthesis of buffalo mammary epithelial cells // Animal Biotechnology. 2023. Vol. 34. No. 7. Pp. 2120–2131. DOI: 10.1080/10495398.2022.2077738.
7. Hao Qi, Gang Lin, Siqi Guo, Xudong Guo, Congying Yu, Minghui Zhang & Xuejun Gao. Met stimulates ARID1A degradation and activation of the PI3K-SREBP1 signaling to promote milk fat synthesis in bovine mammary epithelial cells // Animal Biotechnology. 2023. DOI: 10.1080/10495398.2023.2265167.
8. Mohan M. S., O'Callaghan T. F., Kelly P., Hogan S. A. Milk fat: opportunities, challenges and innovation // Critical Reviews in Food Science and Nutrition. 2021. Vol. 61. No. 14. Pp. 2411–2443. DOI: 10.1080/10408398.2020.1778631.
9. Yong-Zhen Huang, Qin Wang; Chun-Lei Zhang, Xing-Tang Fang, En-Liang Song & Hong Chen Genetic Variants in SDC3 Gene are Significantly Associated with Growth Traits in Two Chinese Beef Cattle Breeds // Animal Biotechnology. 2016. Vol. 27. No. 3. Pp. 190–198, DOI: 10.1080/10495398.2016.1164178.
10. Mozaffarian D., Aro A., Willet W.C. Health effects of trans-fatty acids: Experimental and observational evidence // European journal of clinical nutrition. 2019. Vol. 63. Pp. S5–S21.
11. Qin Guo, Tian Li, Yang Qu, Manzhu Liang, Yiming Ha, Yu Zhang, Qiang Wang. New research development on trans fatty acids in food: Biological effects, analytical methods, formation mechanism, and mitigating measures // Progress in Lipid Research. 2023. Vol. 89. Article number 101199. DOI: 10.1016/j.plipres.2022.101199.
12. Pipoyan D., Stepanyan S., Stepanyan S., Beglaryan M., Costantini L., Molinari R., Merendino N. The Effect of Trans Fatty Acids on Human Health: Regulation and Consumption Patterns // Foods. 2021. No. 10 (10). Article number 2452. DOI: 10.3390/foods10102452.
13. Li C., Cobb L. K., Vesper H. W., Asma S. Global Surveillance of trans-Fatty Acids // Preventing Chronic Disease. 2019. No. 16. DOI: 10.5888/pcd16.190121.
14. Huang L., Federico E., Jones A., Wu J. H. Y. Presence of trans fatty acids containing ingredients in pre-packaged foods in Australia in 2018 // Australian and New Zealand Journal of Public Health. 2020. No. 44 (5). Pp. 419–420. DOI: 10.1111/1753-6405.13014.
15. Beak S. H., Lee Y., Lee E. B., Kim K. H., Kim J. G., Bok J. D., Kang S. K. Study on the fatty acid profile of phospholipid and neutral lipid in Hanwoo beef and their relationship to genetic variation // Journal of Animal Science and Technology. 2019. No. 61 (2). Pp. 69–76. DOI: 10.5187/jast.2019.61.2.69.
16. Li M., Gao Q., Wang M., Liang Y., Sun Y., Chen Z., Zhang H., Karrow N.A., Yang Z., Mao Y. Polymorphisms in Fatty Acid Desaturase 2 Gene Are Associated with Milk Production Traits in Chinese Holstein Cows // Animals. 2020. No. 10. Article number 671. DOI: 10.3390/ani10040671.
17. Cobanoglu O., Kul E., Gurcan E.K., Abaci S.H., Cankaya S. Determination of the association of GHR/AluI gene polymorphisms with milk yield traits in Holstein and Jersey cattle raised in Turkey // Archives Animal Breeding. 2021. No. 64 (2). Pp. 417–424. DOI: 10.5194/aab-64-417-2021.
18. Samková E., Čitek J., Brzáková M., Hanuš O., Večerek L., Jozová E., Hoštičková I., Trávníček J., Hasoňová L., Rost M., Hálková K., Špička J. Associations among Farm, Breed, Lactation Stage and Parity, Gene Polymorphisms and the Fatty Acid Profile of Milk from Holstein. Simmental and Their Crosses // Animals. 2021. No. 11. Article number 3284. DOI: 10.3390/ani11113284.
19. Zaalberg R. M., Shetty N., Janss L. et al. Genetic analysis of Fourier transform infrared milk spectra in Danish Holstein and Danish Jersey // Journal of Dairy Science. 2019. Vol. 102. Pp. 503–510. DOI: 10.3168/jds.2018-14464.
20. Jiang J., Ma L., Prakapenka D., VanRaden P. M., Cole J. B., Da Y. A Large-Scale Genome-Wide Association Study in U.S. Holstein Cattle // Frontiers in Genetics. 2019. DOI: 10.3389/fgene.2019.00412.

21. Pegolo S., Yu H., Morota G., Bisutti V., Rosa G.J.M., Bittante G., Cecchinato A. Structural equation modeling for unraveling the multivariate genomic architecture of milk proteins in dairy cattle // *Journal of Dairy Science*. 2021. No. 104 (5). Pp. 5705–5718. DOI: 10.3168/jds.2020-18321.
22. Lashneva I. A., Sermyagin A. A., Elizarova I. V. et al. Pokazateli produktivnosti korov v svyazi s urovnem transizomerov zhirnykh kislot v moloke [Indicators of cow productivity in relation to the level of trans fatty acids in milk] // *Povyshenie konkurentosposobnosti zhivotnovodstva i zadachi kadrovogo obespecheniya: materialy XXV mezhdunarodnoy nauchno-prakticheskoy konferentsii*. Bykovo, 2019. Pp. 184–191. (In Russian.)

Authors information:

Aleksey V. Stepanov¹, candidate of agricultural sciences, associate professor of the department of biotechnology and food products, ORCID 0000-0002-8523-5938, AuthorID 694790; +7 912 692-03-31, alexystepanow@mail.ru

Olga A. Bykova¹, doctor of agricultural sciences, professor of the department of biotechnology and food products, ORCID 0000-0002-0753-1539, AuthorID 663503; +7 950 542-94-34, olbyk75@mail.ru

Olga V. Kostyunina¹, doctor of biological sciences, professor of the department of biotechnology and food products, ORCID 0000-0001-8206-3221, AuthorID 147325; +7 903 741-56-35, kostolan@yandex.ru

Ural State Agrarian University, Ekaterinburg, Russia