

Вестник Курганской ГСХА. 2022. № 2 (42). С. 25-35
Vestnik Kurganskoy GSKhA. 2022; (2-42): 25-35

Научная статья
УДК 636.03
Код ВАК 4.2.5.

DOI: 10.52463/22274227_2022_42_25
EDN: EJCRLQ

ИЗУЧЕНИЕ ПОКАЗАТЕЛЕЙ ПРОДУКТИВНОСТИ КОРОВ ЧЁРНО-ПЁСТРОЙ ПОРОДЫ С УЧЕТОМ ГЕНОТИПОВ ДНК-МАРКЕРОВ

Алексей Владимирович Степанов^{1✉}, Ольга Сергеевна Чеченихина², Ольга Александровна Быкова³, Ольга Геннадьевна Лоретц⁴

^{1,2,3,4}Уральский государственный аграрный университет, Екатеринбург, Россия

¹alexeystepanow@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-8819-5639>

²olgachech@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0002-9011-089X>

³olbyk75@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-0753-1539>

⁴ftg96@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-9945-5691>

Аннотация. В настоящее время перед селекционерами нашей страны стоит задача разработки рационального алгоритма, который позволял бы эффективно прогнозировать показатели молочной продуктивности крупного рогатого скота. **Целью** наших исследований являлось определение частоты встречаемости генотипов ДНК-маркеров и проведение ассоциативного анализа полиморфных вариантов с признаками молочной продуктивности голштинизированных коров чёрно-пёстрой породы. **Методы.** Исследования проводились в племенном стаде коров чёрно-пёстрой породы АО «Каменское» Свердловской области. Генотипирование животных проводили с помощью биочипов Bovine GGP 150K («Illumina/Neogen», США) с плотностью покрытия 138974 SNP. При анализе обрабатывали данные по генам, имеющим полиморфные генотипы: BGHR, Calpain_316_3, Calpain_4751_3, CAPN1_1, CBFA2T1_SNP1, CBFA2T1SNP2, UASMS1. **Научная новизна** исследований заключается в том, что анализ и определение предпочтительных аллельных вариантов изучаемых нами генов в перспективе даст возможность наравне с уже известными и апробированными методами селекции крупного рогатого скота осуществлять отбор и подбор с использованием ДНК-маркеров. **Результаты** выявили полиморфизм анализируемых генов, представ-

ленных парами аллелей, гены Calpain_316_3, CAPN1_1 – аллелями С и G, гены Calpain_4751, CBFA2T1_SNP1, UASMS1 – аллелями А и G, ген BGHR – аллелями А и Т и ген CBFA2T1SNP2 – аллелями А и С. Установлено, что практически все гены имеют по 3 генотипа, кроме гена CBFA2T1SNP2. При этом четко выраженной сопряженности с показателями молочной продуктивности, содержанием молочного жира и молочного белка не установлено. Вместе с тем изучение генотипов гена BGHR показало, что коровы-носители генотипов АТ и ТТ имели массовую долю жира в молоке на 0,11 % ($p \leq 0,05$) больше по сравнению с носителями генотипа АА. Наибольшее количество молока получено от коров, обладающих геном Calpain_316_3 из числа носителей аллеля G в гомозиготном состоянии: на 969 кг и 392,3 кг больше, чем у носителей генотипа СС и СG соответственно.

Ключевые слова: генотип, гомозиготный, гетерозиготный, чёрно-пёстрая порода, крупный рогатый скот, ДНК-маркеры.

Для цитирования: Степанов А.В., Чеченихина О.С., Быкова О.А., Лоретц О.Г. Изучение показателей продуктивности коров чёрно-пёстрой породы с учетом генотипов ДНК-маркеров // Вестник Курганской ГСХА. 2022. № 2 (42). С. 25-35. https://doi.org/10.52463/22274227_2022_42_25

Scientific article

STUDY OF THE PRODUCTIVITY INDICATORS OF BLACK-AND-WHITE BREED COWS TAKING INTO ACCOUNT GENOTYPES OF DNA MARKERS

Alexey V. Stepanov^{1✉}, Olga S. Chechenikhina², Olga A. Bykova³, Olga G. Loretz⁴

^{1,2,3,4}Ural State Agrarian University, Yekaterinburg, Russia

¹alexeystepanow@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-8819-5639>

²olgachech@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0002-9011-089X>

³olbyk75@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-0753-1539>

⁴ftg96@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-9945-5691>

Abstract. Nowadays, the breeders of our country are faced with the task of developing a rational algorithm that would effectively predict the indicators of dairy productivity of cattle. **The purpose** of our research was to determine the frequency of the occurrence of DNA marker genotypes and carry out an associative analysis of polymorphic variants with signs of milk productivity of Holstein cows of black-and-white breed. **Methods.** The research was carried out in the breeding herd of black-and-white cows of Joint Stock Company "Kamenskoye" of the Sverdlovsk region. The animals were genotyped using Bovine GGP

150K biochips ("Illumina/Neogen", USA) with a coating density of 138974 SNP. During the analysis, data on genes with polymorphic genotypes were processed: BGHR, Calpain_316_3, Calpain_4751_3, CAPN1_1, CBFA2T1_SNP1, CBFA2T1SNP2, UASMS1. **The scientific novelty** of the research lies in the fact that the analysis and determination of the preferred allelic variants of the genes studied by us in the future will make it possible, along with already known and approved methods of cattle breeding, to carry out selection and selection using DNA markers. **The results** revealed polymorphism of the analyzed genes represented

by pairs of alleles, the genes Calpain_316_3, CAPN1_1 – alleles C and G, the genes Calpain_4751, CBFA2T1_SNP1, UASMS1 - alleles A and G, the gene BGHR – alleles A and T and the gene CBFA2T1SNP2 – alleles A and C. It was found that almost all genes have 3 genotypes, except the gene CBFA2T1SNP2. At the same time, there is no clearly expressed correlation with indicators of milk productivity, milk fat and milk protein content. At the same time, the study of the genotypes of the BGHR gene showed that cows carrying the AT and TT genotypes had a mass fraction of fat in milk by 0.11% ($p \leq 0.05$) more than carriers of the AA genotype. The largest amount of milk was obtained from cows

Введение. Молочное скотоводство претерпевает в последнее десятилетие серьезные трансформации, касающиеся не только цифровизации технологии производства молока, но и селекционно-племенной работы в популяции крупного рогатого скота молочного направления продуктивности. Перед научным сообществом стоит задача разработки эффективного алгоритма, позволяющего прогнозировать уровень продуктивных показателей молочных стад крупного рогатого скота [1-4].

Учеными разработаны методы сканирования генома для анализа биоразнообразия внутри породных групп и между породами, получены карты сцепления генов с высоким разрешением. Данная работа внесла весомый вклад в развитие селекционной работы с крупным рогатым скотом при формировании фенотипических признаков. Следует отметить, что разработанная многоаллельная расчётная модель дает возможность вести учет и оценивать вклад каждого гаплотипа в качестве аддитивной и доминантной переменной в целях реализации геномного прогноза и оценки животных по племенным качествам [5].

Еще совсем недавно лишь родословная животных и оценка их по качеству потомства позволяла оценивать их потенциальную продуктивность и вероятность проявления наследственных болезней. За последнее десятилетие достижения молекулярной генетики и возникновение принципиально новых подходов к оценке племенной ценности крупного рогатого скота на основе ДНК-маркеров позволили кардинально изменить качество селекционно-племенной работы. Сейчас глобальная задача отрасли племенного животноводства – это разработка, апробация и эффективное внедрение технологий маркер-ассоциированной и геномной селекции. Данное направление позволяет обнаруживать генные сочетания, которые являются ассоциированными с показателями молочной продуктивности животных, их роста и развития, с проявлением признаков фертильности [6].

Достижения в области генетических технологий привели к существенному снижению затрат на генотипирование. Эти достижения открыли новую эру в генетической оценке скота, добавив

with the Calpain_316_3 gene from among carriers of the G allele in the homozygous state: 969 kg and 392.3 kg more than carriers of the CC and CG genotype, respectively.

Keywords: genotype, homozygous, heterozygous, black-and-white breed, cattle, DNA markers.

For citation: Stepanov A.V., Chechenikhina O.S., Bykova O.A., Loretz O.G. Study of the productivity indicators of black-and-white breed cows taking into account genotypes of DNA markers. Vestnik Kurganskoy GSKhA. 2022; (2-42): 25-35. https://doi.org/10.52463/22274227_2022_42_25 (In Russ).

новый тип информации к традиционным методам разведения животных. В прошлом генетическая оценка основывалась на фенотипических записях и информации о родословной с наилучшим линейным непредвзятым прогнозом (BLUP). Несмотря на сложности, лежащие в основе биологии, традиционные методы генетической оценки оказали большое влияние на улучшение животноводства. Обычно использовалась модель животного, т. е. модель, включающая племенную ценность каждого животного, где матрица отношений числителя использовалась для определения генетических связей между животными. Доступность дешевых геномных данных в больших количествах позволяет напрямую и, следовательно, более точно определять взаимоотношения между индивидами. Это привело к разработке матрицы геномных отношений, с использованием большого количества независимых SNP (однонуклеотидных полиморфизмов), которые могут в скором времени полностью доминировать в генетических оценках [7].

Выявление ДНК-маркеров, которые ассоциированы с уровнем молочной продуктивности коров, считается на сегодняшний день наиболее перспективным направлением племенной работы. С помощью ДНК-методов выявляется генотип коров независимо от пола, возраста или же физиологического состояния. Данный факт является значимым и эффективным звеном в селекционно-племенной работе с крупным рогатым скотом. Значительное место отводится анализу полиморфных вариантов отдельных генов, связанных с уровнем продуктивности животных. Анализ частот аллелей, встречающихся в популяциях крупного рогатого скота, дает возможность изучения эффективности полиморфизмов у отдельных групп коров в условиях генотипической среды. Это позволяет наиболее эффективно работать в направлении совершенствования селекционного процесса, на ранних этапах осуществлять прогноз показателей продуктивности, контролируя при этом появление различных генетических аномалий [8-15].

Обнаружение и идентификация наследственных гаплотипов могут быть использованы как для уточнения эволюционной динамики различных популяций, так и для выявления при-

знаков отбора геномных областей, представляющих интерес, которые будут использоваться в программах сохранения и разведения сельскохозяйственных животных [16].

Исследования ученых, работающих в современных условиях, направлены на изучение показателей продуктивности коров чёрно-пёстрой породы с учетом генотипов различных ДНК-маркеров — гены каппа-казеина (CSN3), бета-лактоглобулина (BLG), лептина (LEP), гормонов пролактина (PRL), соматотропина (GH) и др. [17, 18]. При этом, по мнению авторов, исследования, направленные на анализ частоты встречаемости аллелей гена рецептора гормона роста, представляют не меньший интерес при идентификации ДНК-маркеров показателей молочной продуктивности. Так, например, итоги одного из исследований показали, что частота генотипов в гене GHR составила: YY = 0,513; FF = 0,378; FY = 0,108; частота аллеля Y = 0,57, а аллеля F = 0,43. Авторы засвидетельствовали в изучаемом стаде применение инбридинга и селекционный отбор коров по жиру в молоке (FF), а также по удою (YY) [19].

Для пород молочного направления продуктивности не менее важными показателями являются живая масса и скорость роста молодняка. Уровень рентабельности каждой головы можно рассчитать путем анализа ее параметров по отдельным периодам производственного использования. Оптимальные параметры позволяют сохранять у животных высокую воспроизводительную способность, молочность и проявлять хорошие адаптационные способности [20].

В научных публикациях встречаются результаты, которые показывают, что по гену CAPN1 частота гомозиготного генотипа CC находилась в пределах 0-0,27 при максимальной концентрации в группе исследуемых животных. Генотип GG при этом отличался большей встречаемостью (0,64). Анализ влияния различных генотипов гена CAPN1 на показатели молочности коров по полиморфизму изучаемого гена показал, что в группе животных видна тенденция к увеличению данного показателя до 219,6 кг [21].

Гены белков семейства кальпаинов (calpain) Calpain_316_3, Calpain_4751_3, CAPN1_1 во многих исследованиях доказывают перспективность их использования в качестве ДНК-маркеров мясной продуктивности у крупного рогатого скота. Он участвует в регулировке роста и развития, инициирует и поддерживает мясную продуктивность, качество мяса [22].

При изучении гена гормона роста GHLL в стаде коров уральского типа чёрно-пёстрого

скота отмечено преобладание гомозиготного генотипа – 76,5%. При этом автором установлено, что первотелки генотипа LL превосходили сверстниц по уровню удоя – на 6,2%. На показатели массовой доли жира и белка в молоке генотип по соматотропину влияния не оказывает [23].

Исследования ученых, проводимые в стаде коров чёрно-пёстрой породы, показали, что генотипы гена DGAT1, играющего ключевую роль в синтезе триацилглицеринов, оказывают влияние на ряд показателей роста, развития и молочной продуктивности животных. Так, удои, количество молочного жира и белка за лактацию выше у особей с гомозиготным генотипом AA. Авторы отмечают при этом превосходство коров с гетерозиготным генотипом гена DGAT1 (AK) по удою за первые сто дней лактационного периода. Кроме того, результаты показали, что темпы роста и развития более низкие у животных, несущих в своем генотипе аллель K. Как правило, такие особи обладают более поздними сроками осеменения и возрастом первого отела, что сказывается на их рентабельности [24].

Рядом учёных [25, 26] установлена взаимосвязь полиморфных вариантов гена соматотропина bGH с уровнем молочной продуктивности, жирномолочностью и белкомолочностью коров. Анализ показал, что животные с генотипом LL обладали большей продуктивностью в период первой лактации. При этом в последующие лактации по количеству надоев молока лидировали животные с гетерозиготным генотипом LV. Разница в количестве молока между гомозиготным и гетерозиготным генотипами за различные периоды лактации составила 2451,0 кг (21,7%). По количеству жира в молоке наблюдалась другая картина – коровы из числа обладательниц гетерозиготного генотипа LV превосходили животных с гомозиготным генотипом LL по массовой доле жира в молоке на 0,07%.

Учет генотипов ДНК-маркеров гена DGAT1_A232K показал, что коровы с аллелем AA обладали более высоким уровнем молочной продуктивности за 305 дней лактации (на 255,0 кг при $P < 0,05$), количеству молочного жира (на 3,9 кг) и молочного белка (на 5,7 кг). Животные с геном GHR_F279Y, несущие аллель Y, превосходили других коров по показателям молочной продуктивности. Коровы с генотипом FY анализируемого гена имели массовую долю жира и белка в молоке выше на 0,08% ($P < 0,05$, $P < 0,001$), чем у коров с гомозиготным генотипом YY. Авторы исследований делают вывод о том, что генетические варианты по ДНК-маркерам GHR_F279Y и DGAT1_A232K ассоциированы с показателями, характеризую-

щими молочную продуктивность, и могут быть использованы в селекционной работе по совершенствованию крупного рогатого скота [27].

На основании проведенных исследований Moore S. S. с соавторами, разработан патент по способу отбора крупного рогатого скота, имеющего генотипы гена CBFA2T1, являющиеся маркерами для улучшения качества туши, роста и/или эффективности кормления крупного рогатого скота [28].

Три SNP в гене лептина (Exon2FB, UASMS, UASMS2), который играет ключевую роль в регуляции аппетита и состава тела, были протестированы на ассоциации с признаками качества мяса. Было обнаружено, что только одно из них, UASMS2, было значительно связано с любым из проверенных признаков. Участники дискуссии дали животным с генотипом ТТ значительно более высокие общие оценки, чем животным с генотипами СС или СТ. Также наблюдалась значительная неаддитивная ассоциация между UASMS2 SNP и толщиной жира задней части туши, так что у животных, наследующих генотип СС, было значительно меньше жира, окружающего заднюю часть, по сравнению с животными СТ или ТТ [29].

В большинстве проведенных в последнее время исследований по выявлению ДНК-маркеров, связанных с продуктивными признаками, наиболее изучены и уже широко используются в селекции крупного рогатого скота маркеры молочной продуктивности генов каппа-казеина, лактоглобулина, пролактина, тиреоглобулина и др., т.е. гены гормонов, непосредственно связанных с такими хозяйственно-полезными признаками как уровень молочной продуктивности, массовая доля жира и белка в молоке, количество молочного жира и белка. Аналогичная ситуация отмечается и при исследовании генотипов мясного скота по признакам, характеризующим качество туши, рост и эффективность использования корма. Вместе с тем научный интерес представляет изучение взаимосвязи генов-маркеров мясных признаков на молочном скоте, так как, влияя на эффективность использования корма, эти гены стимулируют белковый и жировой обмен, могут ассоциироваться с показателями молочной продуктивности.

В связи с вышеизложенным, комплексная оценка результатов, полученных с помощью ДНК-технологий в совокупности с показателями продуктивности коров, достаточно перспективна. Существует необходимость системного проведения анализа молекулярных механизмов формирования параметров роста, развития и молочной продуктивности стад крупного рогатого скота. Данная работа позволит совершить эф-

фективный выбор генов-кандидатов для ассоциативных исследований и дальнейшего их использования в селекционно-племенной работе.

Целью наших исследований являлось определение частоты встречаемости генотипов ДНК-маркеров и проведение ассоциативного анализа полиморфных вариантов с признаками молочной продуктивности коров чёрно-пёстрой породы.

Методика. Исследования проводились в племенном стаде коров чёрно-пёстрой породы ПАО «Каменское» Свердловской области, где содержится 7700 голов крупного рогатого скота, в том числе 3300 голов.

Генотипирование животных осуществляли с помощью биочипов Bovine GGP 150K («Illumina/Neogen», США) с плотностью покрытия 138974 SNP на базе ЦКП «Биоресурсы и биоинженерия сельскохозяйственных животных» ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста. Основные характеристики GGP Bovine 150K включают в себя: SNPS специально выбраны для высокой частоты минорных аллелей и равномерного охвата генома для большинства мясных и молочных пород крупного рогатого скота; включает как новые эффективные маркеры продуктивности и воспроизводства крупного рогатого скота, так и все широко используемые маркеры происхождения USDA и ISAG.

Для анализа обрабатывали данные по генам, имеющим полиморфные генотипы: BGHR, Calpain_316_3, Calpain_4751_3, CAPN1_1, CBFA2T1_SNP1, CBFA2T1SNP2, UASMS1.

Частоту встречаемости генотипов анализируемых генов рассчитывали путем соотношения количества коров из числа носителей генотипа к общему числу животных в исследуемой группе. Показатели молочной продуктивности животных оценивали за 305 дней первой лактации в соответствии с документом «Порядок и условия проведения бонитировки племенного крупного рогатого скота молочного и молочно-мясного направлений продуктивности» (приказ Минсельхоза РФ №379 от 28.10.2010 г.).

Обработку полученных в эксперименте данных проводили в программах «Microsoft Excel», «Biostatistics» при расчете основных статистических и биометрических показателей. При этом пороги статистически достоверных различий определяли при * - $p < 0,05$; ** - $p < 0,01$; *** - $p < 0,001$.

Результаты. При исследовании возможности использования генов в качестве маркеров показателей молочной продуктивности невозможно не обратить внимание на частоту проявления генотипов в выборке, так как продуктивные признаки животных сопряжены прежде всего с генотипом.

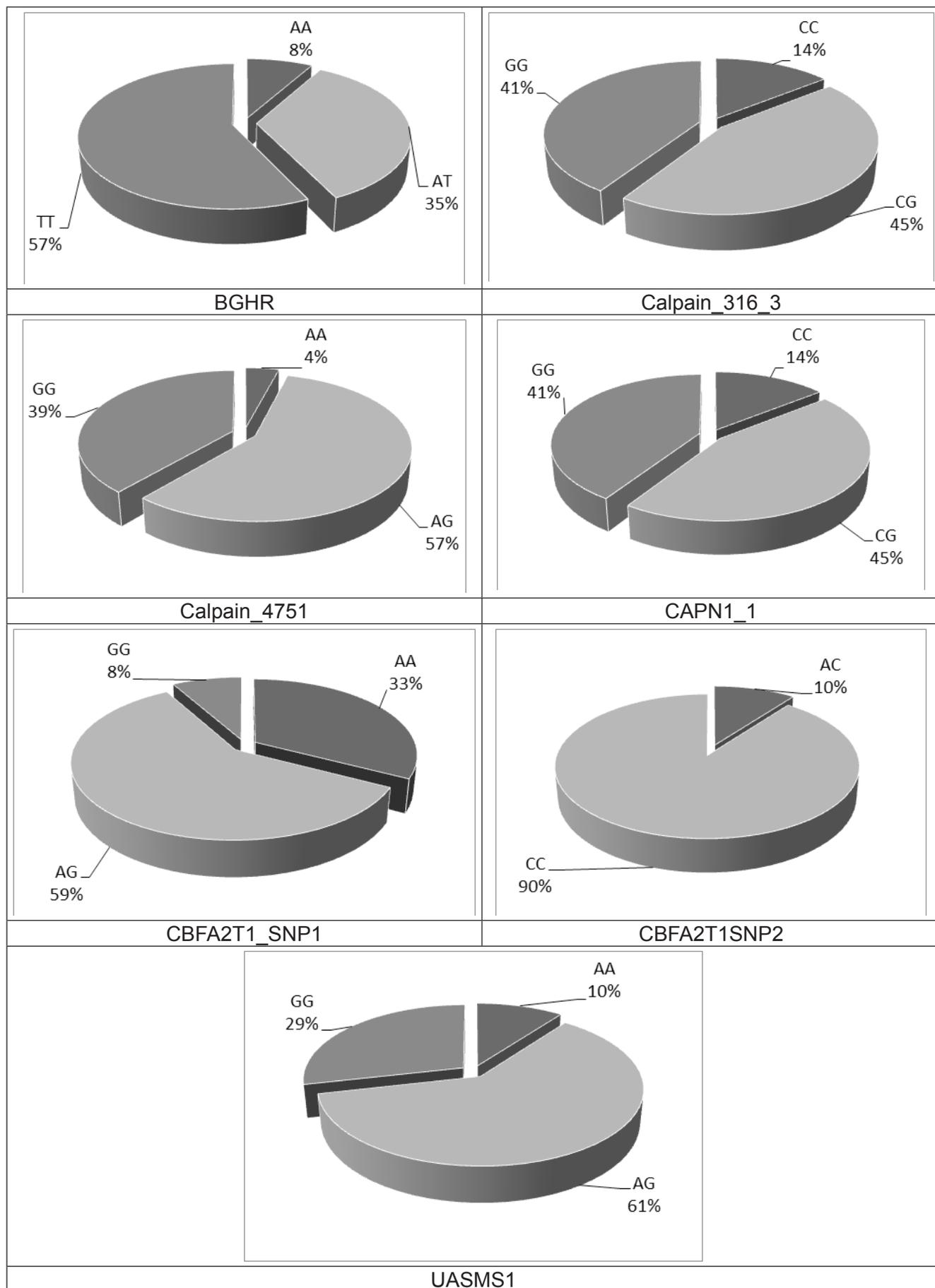


Рисунок – Частота встречаемости генотипов анализируемых генов

В результате исследования поголовья голштинизированного чёрно-пёстрого скота племенного завода ПАО «Каменское» установлен полиморфизм изучаемых генов, представленных парами аллелей – гены *Calpain_316_3*, *CAPN1_1* – аллелями С и G, гены *Calpain_4751*, *CBFA2T1_SNP1*,

UASMS1 – аллелями А и G, ген *BGHR* – аллелями А и Т и ген *CBFA2T1_SNP2* – аллелями А и С (рисунок). Следует отметить, что по гену *CBFA2T1_SNP2* было определено только два генотипа *CBFA2T1_SNP2^{AC}* – с частотой встречаемости 10% и генотип *CBFA2T1_SNP2^{CC}* – с частотой встречаемости 90%.

Таблица – Показатели молочной продуктивности коров чёрно-пёстрой породы в зависимости от генотипа

Ген	Аллель		Удой за 305 дней 1 лактации, кг	Массовая доля жира за 305 дней 1 лактации, %	Количество молочного жира за 305 дней 1 лактации, кг	Массовая доля белка за 305 дней 1 лактации, %	Количество молочного белка за 305 дней 1 лактации, кг
BGHR	AA	X±Sx	7462,8±941,8	3,86±0,03	288,5±37,1	3,15±0,03	235,8±31,2
		Cv	25,2	1,91	25,7	2,09	26,5
	AT	X±Sx	7930,7±368,7	3,97±0,03	315,7±16,1	3,21±0,02	254,2±11,4
		Cv	19,2	3,33	21,0	2,90	18,5
	TT	X±Sx	7730,9±248,7	3,97±0,03*	306,9±10,1	3,24±0,02*	250,4±8,1
		Cv	17,0	3,44	17,3	2,49	17,1
Calpain_316_3	CC	X±Sx	7123,9±716,8	4,02±0,04	285,7±28,2	3,31±0,04	235,8±24,4
		Cv	26,6	2,47	26,2	2,98	27,4
	CG	X±Sx	7700,6±296,7	3,97±0,03	3,0,6±12,6	3,22±0,02*	247,5±9,2
		Cv	18,1	3,92	19,3	2,47	17,52
	GG	X±Sx	8092,9±270,8	3,94±0,03	319,7±11,8	3,20±0,02*	259,0±8,9
		Cv	15,0	2,90	16,6	2,35	15,3
Calpain_4751	AA	X	7285	3,83	267,9	3,19	223,5
	AG	X±Sx	8070,6±264,1	3,94±0,02	319,3±11,6	3,20±0,02	258,3±8,5
		Cv	17,3	3,19	19,2	2,87	17,4
	GG	X±Sx	7399,6±327,8	3,99±0,03	295,0±12,9	3,25±0,02*	240,6±10,7
		Cv	19,3	3,62	19,0	2,27	19,3
	CAPN1_1	CC	X±Sx	7123,9±716,8	4,02±0,04	285,7±28,2	3,31±0,04
Cv			26,6	2,47	26,2	2,98	27,4
CG		X±Sx	7700,6±296,7	3,97±0,03	305,6±12,6	3,22±0,02*	247,4±9,2
		Cv	18,1	3,92	19,27	2,47	17,5
GG		X±Sx	8092,9±270,8	3,94±0,03	319,7±11,8	3,20±0,02*	259,0±8,9
		Cv	15,0	2,90	16,6	2,35	15,3
CBFA2T1_SNP1	AA	X±Sx	8299,9±307,2	3,96±329,1	329,1±12,8	3,25±0,01	269,2±9,6
		Cv	14,8	2,25	15,6	1,76	14,3
	AG	X±Sx	7448,3±270,9*	3,97±0,03	295,6±11,4	3,21±0,02	238,6±8,5*
		Cv	19,6	4,0	20,7	3,0	19,2
	GG	X±Sx	8085,0±651,9	3,95±0,03	319,4±27,4	3,23±0,04	261,6±23,8
		Cv	16,1	1,70	17,2	3,00	18,2
CBFA2T1_SNP2	AC	X±Sx	7523,2±797,9	3,97±0,03	298,6±32,4	3,26±0,02	245,0±25,5
		Cv	23,7	0,73	24,3	1,24	23,3
	CC	X±Sx	7807,3±208,4	3,97±0,02	309,6±0,02	3,21±0,01*	251,0±6,7
		Cv	17,7	3,53	18,7	2,78	17,6
UASMS1	AA	X±Sx	8331,6±786,6	3,96±0,04	328,3±28,6	3,27±0,03	271,6±24,2
		Cv	21,1	2,23	19,5	2,15	19,9
	AG	X±Sx	7714,5±257,3	3,96±0,02	306,3±11,0	3,23±0,01	249,1±8,2
		Cv	18,2	2,91	19,7	2,32	17,9
	GG	X±Sx	7717,5±359,7	3,96±0,05	306,0±15,1	3,18±0,02*	246,0±11,8
		Cv	17,4	4,58	18,4	3,31	18,0

В целом рассматриваемые генотипы имели неравномерное распределение внутри даже однотипных по определяемым признакам генов. Так, по генам *Calpain_316_3*, *Calpain_4751*, *CAPN1_1* и *UASMS1* наибольшая доля приходится на гетерозиготные генотипы, значения размеров долей колеблются от 45 до 61 %. Среди генов с тремя генотипами гомозиготный генотип *BGHR^{TT}* преобладает только у животных из числа носителей гена *BGHR* с размером доли 57%.

Изучение генотипов гена *BGHR* и его взаимосвязи с показателями молочной продуктивности показало, что независимо от распределения аллелей А и Т в локусе данного гена, четкой сопряженности с уровнем молочной продуктивности за 305 дней лактации, количеством молочного жира и белка не установлено. Вместе с тем коровы-носители генотипов АТ и ТТ – имели наибольшую массовую долю жира в молоке – 3,97%, что достоверно выше на 0,11% ($p \leq 0,05$) по сравнению с носителями генотипа АА. По массовой доле белка наивысшие показатели отмечены у животных гомозиготного генотипа ТТ по гену *BGHR* – 3,24%, что на 0,03% и 0,09% ($p \leq 0,05$) больше, чем у коров генотипов АТ и АА соответственно.

Продуктивные показатели животных гена *Calpain_316_3* показали различную сопряженность генотипам. Так, наибольшее количество молока за 305 дней лактации получено от коров, носителей аллеля G в гомозиготном состоянии, — 8092,9 кг, что на 969 кг и 392,3 кг больше, чем у носителей генотипа СС и СG. Вместе с тем массовая доля жира и белка в молоке у генотипа GG оказалась наименьшей среди исследуемых генотипов 3,94% и 3,20% соответственно. По содержанию молочного жира в молоке животные генотипа *Calpain_316_3^{CC}* превосходили носительниц генотипов СG и GG на 0,9% ($p \leq 0,05$) и 0,11% ($p \leq 0,05$).

В исследуемом поголовье по гену *Calpain_4751* количество животных с гомозиготным генотипом АА оказалось 4% и не подвергалось статистической обработке. Среди исследуемых показателей молочной продуктивности носители гомозиготного генотипа аллеля G по содержанию белка в молоке за 305 дней лактации достоверно превосходили на 0,05% ($p \leq 0,05$) носительниц гетерозиготного генотипа АG.

При исследовании генотипов гена *CAPN1_1* и его сопряженности с показателями молочной продуктивности за 305 дней лактации, установлено, что коровы по количеству выявленных генотипов полностью повторяют рас-

пределение, полученное при исследовании гена *Calpain_316_3*.

Изучение распределения генотипов в локусе гена *CBFA2T1_SNP1* показало, что по четырем из пяти изучаемых признаков коровы с гомозиготным генотипом по аллелю А превосходили носительниц других генотипов. Так, по уровню молочной продуктивности разница составила 851,6 кг ($p \leq 0,05$) и 214,9 кг, количеству молочного жира — 33,5 кг и 9,7 кг, массовой доле белка — 0,04 % и 0,02%, количеству молочного белка — 30,6 кг ($p \leq 0,05$) и 7,6 кг по генотипам АG и GG соответственно.

При исследовании гена *CBFA2T1SNP2* было обнаружено отсутствие в выборке животных с гомозиготным генотипом АА, из остальных генотипов 90 % животных являются носителями генотипа СС. Вместе с тем обнаружено достоверное превосходство гетерозиготного генотипа по массовой доле белка в молоке – разница составила 0,05% ($p \leq 0,05$).

Изучение распределения аллелей гена *UASMS1* и сопряженности генотипов с показателями молочной продуктивности за 305 дней лактации показало, что по всем изучаемым признакам животные гомозиготного генотипа АА имели максимальный уровень продуктивности. При этом достоверная разница была выявлена только по массовой доле белка в молоке по сравнению с гомозиготным генотипом GG и составила 0,09% ($p \leq 0,05$).

Выводы. Изучение распределения генотипов по исследуемым генам показало, что практически все гены имеют по 3 генотипа, кроме гена *CBFA2T1SNP2*, 90% исследуемых животных являются носителями гомозиготного генотипа по аллелю С. По доле распространения среди изучаемого поголовья крупного рогатого скота наибольшее количество животных является носителями гетерозиготного генотипа по таким генам, как *Calpain_316_3*, *Calpain_4751*, *CAPN1_1*, *CBFA2T1_SNP1*, *UASMS1*. Только у гена *BGHR* наибольшую долю по распространённости составляет гомозиготный генотип (ТТ).

Анализ сопряженности показателей молочной продуктивности за 305 дней первой лактации позволил выявить то, что генотипы изучаемых генов, являющихся маркерами некоторых признаков мясной продуктивности, в наших исследованиях показали достоверную разницу между животными, носителями разных генотипов. Из семи исследованных генов у пяти выявлено достоверное превосходство коров, носителей гомозиготных генотипов по массовой доле белка

в молоке, – BGHR (TT), Calpain_316_3 (GG), Calpain_4751 (GG), CAPN1_1 (CC), UASMS1 (AA). По гену CBFA2T1SNP2 достоверное превосходство по содержанию белка установлено по гетерозиготному генотипу AC.

Вместе с тем коровы с гомозиготным генотипом AA гена CBFA2T1_SNP1 достоверно превосходили по удою за 305 дней первой лактации животных с гетерозиготным генотипом.

Оценка и выявление предпочтительных аллельных вариантов изученных нами генов в перспективе позволит одновременно с традиционными методами отбора и подбора крупного рогатого скота осуществлять селекцию с успешным использованием ДНК-маркеров.

Список источников

- 1 Donnik I.M., Chechenikhina O.S., Bykova O.A., Loretts O.G., Stepanov A.V. Body type of cows as a factor of their productive longevity // E3S Web of Conferences. International Scientific and Practical Conference "Development of the Agro-Industrial Complex in the Context of Robotization and Digitalization of Production in Russia and Abroad", DAIC 2020". Yekaterinburg, 2020. Pp. 2059. doi: 10.1051/e3sconf/202022202059
- 2 Kayumov F.G., Kosilov V.I., Gerashimov N.P., Bykova O.A. The effect of snp polymorphisms in growth hormone gene on weight and linear growth in crossbred red angus × kalmyk heifers // Digital agriculture - development strategy: proceedings of the International Scientific and Practical Conference (ISPC 2019). Сер. "Advances in Intelligent Systems Research". Yekaterinburg, 2019. Pp. 325-328. doi: 10.2991/ispc-19.2019.73
- 3 Lihodeevskaya O.E., Lihodeevskiy G.A., Gorelik O.V., Loretts O.G., Stepanova V.V. Effect of genetic and paratypical factors on milk production in cattle // IOP Conference Series: Earth and Environmental Science. IV International Scientific Conference on Agribusiness, Environmental Engineering and Biotechnologies: AGRITECH-IV-2020. Krasnoyarsk, 2021. Pp. 042039. doi: 10.1088/1755-1315/677/4/042039
- 4 Ражина Е.В., Лоретц О.Г. Методы ДНК-тестирования в селекции крупного рогатого скота // Вестник биотехнологии. 2018. № 2 (16). С. 11.
- 5 Яковлев А. Ф. Вклад гаплотипов в формирование племенных и воспроизводительных качеств животных (обзор) // Проблемы биологии продуктивных животных. 2019. № 2. С. 5-18. doi: 10.25687/1996-6733.prodanimbiol.2019.2.5-18.
- 6 Минакова Н. Геномные технологии для животноводства // Наука и инновации. 2021. № 8 (222). С. 4-8.
- 7 Ferdosi M.H., Henshall J., Tier B. Study of the optimum haplotype length to build genomic relationship matrices // Genetics. Selection. Evolution. 2016. No. 48. P. 75. doi: <https://doi.org/10.1186/s12711-016-0253-6>.
- 8 Попов Н.А., Попов А.Н. Селекция коров красно-пестрой породы по признакам молочности, мониторинг форм каппа-казеина и других генетических маркеров // Молочное и мясное скотоводство. 2020. № 7. С. 16-19. doi: 10.33943/MMS.2020.94.89.004
- 9 ДНК-маркеры в селекции крупного рогатого скота / М.А. Леонова [и др.] // Научная жизнь. 2017. № 6. С. 44-50.
- 10 Дубовскова М.П., Герасимов Н.П. Генетическая структура и ассоциация полиморфизма генов гормона роста (L127v) и лептина (A80v) с продуктивностью в северо-кавказской популяции герефордской породы // Животноводство и кормопроизводство. 2020. № 3. С. 91-101.
- 11 Анализ продуктивности в группах коров аулиекольской и казахской белоголовой пород с разными генотипами полиморфизма BPIT-1-HINF1 / И.С. Бейшова [и др.] // Успехи современной науки и образования. 2017. № 4. С. 133-138.
- 12 Тайгузин Р.Ш., Ляпин О.А., Макаев Ш.А. Использование быков-производителей при создании высокорослого типа казахской белоголовой породы с генотипом генов, контролирующих мясную продуктивность животных // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. 2018. № 3 (71). С. 204-207.
- 13 Епишко О.А., Пешко В.В., Пешко Н.Н. Использование генов LGB, PRL в качестве маркеров молочной продуктивности в селекции крупного рогатого скота белорусской чёрно-пестрой породы // Ученые записки учреждения образования Витебская ордена Знак почета государственная академия ветеринарной медицины. 2018. Т. 54. № 2. С. 84-88.
- 14 Бейшова И.С., Белая Е.В., Поддудинская Т.В. Анализ генетической структуры по генам соматотропинового каскада (BPIT-1, BGH, BGHR) пород крупного рогатого скота отечественной селекции // 3i: intellect, idea, innovation – интеллект, идея, инновация. 2017. № 2-1. С. 77-84.
- 15 Филипенкова Г.В. Использование ДНК-маркеров в селекционном процессе в молочном скотоводстве // Вестник Российского государственного аграрного заочного университета. 2020. № 34 (39). С. 27-30.
- 16 Гатилова Е.В., Ефимова Л.В., Ивано-

ва О.В. Встречаемость генотипов каппа-казеина и их влияние на молочную продуктивность коров разных пород // Вестник АПК Ставрополя. 2020. № 4 (40). С. 42-47. doi: 10.31279/2222-9345-2020-9-40-42-47.

17 Оценка молочной продуктивности и качества молока коров с разными генотипами Диацилглицерол-о-ацилтрансферазы / С.В. Тюлькин [и др.] // Актуальные вопросы индустрии напитков. 2019. № 3. С. 234-238. doi: 10.21323/978-5-6043128-4-1-2019-3-234-238.

18 Мукий Ю.В., Богомаз Д.И., Павлова О.А. Анализ частот аллелей полиморфизма F239Y гена рецептора гормона роста в популяции коров айрширской породы // Вопросы нормативно-правового регулирования в ветеринарии. 2020. № 4. С. 117-120.

19 Sánchez-Molano E., Tsiokos D., Chatziplis D. et al. A practical approach to detect ancestral haplotypes in livestock populations // BMC Genetics. 2016. № 17. P. 91. doi: <https://doi.org/10.1186/s12863-016-0405-2>.

20 Взаимосвязь полиморфных генов пролактина и соматотропина крупного рогатого скота с молочной продуктивностью / И.Ю. Долматова [и др.] // Вестник Башкирского государственного аграрного университета. 2020. № 1 (53). С. 70-78. doi: 10.31563/1684-7628-2020-53-1-70-78

21 Генетическая характеристика казахского белоголового скота / Ш.А. Макаев [и др.] // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. 2019. № 6 (80). С. 281-285.

22 Особенности полиморфизма генов гормона роста (GH), кальпаина (CAPN1) быков-производителей мясных пород / М. И. Селионова [и др.] // Вестник мясного скотоводства. 2017. № 2 (98). С. 65-72.

23 Ткаченко И.В., Гридина С.Л. Влияние полиморфных вариантов генов каппа-казеина и гормона роста на молочную продуктивность первотелок уральского типа // Известия Тимирязевской сельскохозяйственной академии. 2018. № 5. С. 87-95. doi: 10.26897/0021-342X-2018-5-87-95.

24 Связь полиморфизма гена DGAT1 с хозяйственно-полезными признаками коров / М.В. Позовникова [и др.] // Молочное и мясное скотоводство. 2017. № 8. С. 9-12.

25 Ткаченко И.В. Взаимосвязь молочной продуктивности первотелок уральского типа и аллельных вариантов гена гормона роста // БИО. 2019. № 1 (220). С. 16-17.

26 Ярышкин А.А. Влияние полиморфных

вариантов гена соматотропина на молочную продуктивность коров // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. 2019. № 6 (80). С. 279-281.

27 Ассоциация полиморфизма генов DGAT1 и GHR с показателями молочной продуктивности коров чёрно-пёстрой породы / И.В. Виноградова [и др.] // Молочное и мясное скотоводство. 2018. № 2. С. 8-11.

28 Association of single nucleotide polymorphisms in the cbfa2t1 and decr1 genes with performance and carcass merit of beef cattle: US20090117556 A1. US / Moore S.S., Marques E.F.; publication date 14.05.2009.

29 Gill, Jennifer L. et al. Association of selected SNP with carcass and taste panel assessed meat quality traits in a commercial population of Aberdeen Angus-sired beef cattle // Genetics, selection, evolution. 2009. Vol. 41-1. P. 36. doi:10.1186/1297-9686-41-36.

References

1 Donnik I.M., Chechenikhina O.S., Bykova O.A., Loretts O.G., Stepanov A.V. Body type of cows as a factor of their productive longevity. E3S Web of Conferences. International Scientific and Practical Conference "Development of the Agro-Industrial Complex in the Context of Robotization and Digitalization of Production in Russia and Abroad", DAIC 2020". Yekaterinburg; 2020: 2059. doi: 10.1051/e3sconf/202022202059

2 Kayumov F.G., Kosilov V.I., Gerasimov N.P., Bykova O.A. The effect of snp polymorphisms in growth hormone gene on weight and linear growth in crossbred red angus × kalmyk heifers. Proceedings of the International Scientific and Practical Conference (ISPC 2019) "Digital agriculture - development strategy. Advances in Intelligent Systems Research". Yekaterinburg; 2019: 325-328. doi: 10.2991/ispc-19.2019.73

3 Lihodeevskaya O.E., Lihodeevskiy G.A., Gorelik O.V., Loretts O.G., Stepanova V.V. Effect of genetic and paratypical factors on milk production in cattle. IOP Conference Series: Earth and Environmental Science. IV International Scientific Conference on Agribusiness, Environmental Engineering and Biotechnologies: AGRITECH-IV-2020. Krasnoyarsk; 2021: 042039. doi: 10.1088/1755-1315/677/4/042039

4 Razhina E.V., Loretts O.G. Metody DNK-testirovaniya v selektsii krupnogo rogatogo skota [Methods of DNA testing in cattle breeding]. // Bulletin of biotechnology. 2018; (2-16): 11. (In Russ.)

5 Yakovlev A. F. Vklad gaplotipov v formiro-

vanie plemennykh i vosproizvoditel'nykh kachestv zhivotnykh (obzor) [Contribution of haplotypes to the formation of breeding and reproductive qualities of animals (review)] // Problems of Productive Animal Biology. 2019; (2): 5-18. doi: 10.25687/1996-6733.prodanimbiol.2019.2.5-18. (In Russ.)

6 Minakova N. Genomnye tekhnologii dlya zhivotnovodstva [Genomic technologies for animal husbandry. The Science and Innovations. 2021; (8-222): 4-8. (In Russ.)

7 Ferdosi M.H., Henshall J., Tier B. Study of the optimum haplotype length to build genomic relationship matrices. Genetics, selection, evolution. 2016; (48): 75. doi: <https://doi.org/10.1186/s12711-016-0253-6>.

8 Popov N.A., Popov A.N. Seleksiya korov krasno-pestroy porody po priznakam molochnosti, monitoring form kappa-kazeina i drugikh geneticheskikh markerov [Selection of red-mottled cows by signs of milk production, monitoring of forms of kappa-casein and other genetic markers]. Dairy and Beef Cattle Breeding. 2020; (7): 16-19. doi: 10.33943/MMS.2020.94.89.004. (In Russ.)

9 Leonova M.A., Getmantseva L.V., Yuldasheva K.A., Mikhtodzhova Sh.D. DNK-markery v seleksii krupnogo rogatogo skota [DNA markers in cattle breeding]. Scientific Life. 2017; (6): 44-50. (In Russ.)

10 Dubovskova M.P., Gerasimov N.P. Geneticheskaya struktura i assotsiatsiya polimorfizma genov gormona rosta (L127v) i leptina (A80v) s produktivnost'yu v severo-kavkazskoy populyatsii gerefordskoy porody [Genetic structure and association of growth hormone (L 127 v) and leptin (A80v) gene polymorphism with productivity in the North Caucasian population of the Hereford breed]. Animal Husbandry and Fodder Production. 2020; (3): 91-101. (In Russ.)

11 Beyshova I.S., Belaya E.V., Terletskiy V.P., Chuzhebaeva G.D., Krutikova A.A. Analiz produktivnosti v gruppakh korov auliekol'skoy i kazakhskoy belogolovoy porod s raznymi genotipami polimorfizma BPIT-1-HINFI [Productivity analysis in groups of cows of Auliekol and Kazakh white-headed breeds with different genotypes of BPIT-1-HINFI polymorphism]. Success of Modern Science and Education. 2017; (4): 133-138. (In Russ.)

12 Tayguzin R.Sh., Lyapin O.A., Ma-kaev Sh.A. Ispol'zovanie bykov-proizvoditeley pri sozdanii vysokoroslogo tipa kazakhskoy belogolovoy porody s genotipom genov, kontroliruyushchikh myasnuyu produktivnost' zhivotnykh [The use of breeding bulls in the creation of a tall type of Kazakh white-headed breed with a genotype of genes con-

trolling the meat productivity of animals]. Izvestia Orenburg State Agrarian University. 2018; (3-71): 204-207. (In Russ.)

13 Epishko O.A., Peshko V.V., Peshko N.N. Ispol'zovanie genov LGB, PRL v kachestve markerov molochnoy produktivnosti v seleksii krupnogo rogatogo skota belorusskoy cherno-pestroy porody [The use of LGB, PRL genes as markers of milk productivity in the breeding of cattle of the Belarusian black-and-white breed]. Transactions of the educational establishment "Vitebsk the Order of "the Badge of Honor" State Academy of Veterinary Medicine". 2018; (54-2): 84-88. (In Russ.)

14 Beyshova I.S., Belaya E.V., Poddudinskaya T.V. Analiz geneticheskoy struktury po genam somatotropinovogo kaskada (B PIT-1, B GH, B GHR) porod krupnogo rogatogo skota otechestvennoy seleksii [Analysis of the genetic structure by genes of the somatotropin cascade (B PIT-1, BG, BG HR) of domestic cattle breeds]. 3i: intellect, idea, innovation – intellekt, ideya, innovatsiya. 2017; (2-1): 77-84. (In Russ.)

15 Filipenkova G.V. Ispol'zovanie DNK-markerov v selektsionnom protsesse v molochnom skotovodstve [The use of DNA markers in the breeding process in dairy cattle breeding]. Herald of Russian State Agrarian Correspondence University. 2020; (34-39): 27-30. (In Russ.)

16 Gatilova E.V., Efimova L.V., Ivanova O.V. Vstrechaemost' genotipov kappa-kazeina i ikh vliyaniye na molochnuyu produktivnost' korov raznykh porod [The occurrence of kappa-casein genotypes and their effect on the milk productivity of cows of different breeds]. Agricultural Bulletin of Stavropol Region. 2020; (4-40): 42-47. doi: 10.31279/2222-9345-2020-9-40-42-47. (In Russ.)

17 Tyul'kin S.V., Gil'manov Kh.Kh., Rzhanova I.V., Lazareva E.G. Otsenka molochnoy produktivnosti i kachestva moloka korov s raznymi genotipami Diatsilglitserol-o-atsiltransferazy [Evaluation of milk productivity and milk quality of cows with different genotypes of Diacylglycerol-o-acyltransferase]. Aktual'nye voprosy industrii napitkov. 2019; (3): 234-238. doi: 10.21323/978-5-6043128-4-1-2019-3-234-238. (In Russ.)

18 Mukiy Yu.V., Bogomaz D.I., Pavlova O.A. Analiz chastot alleley polimorfizma F239U gena retseptora gormona rosta v populyatsii korov ayrshirskoy porody [Analysis of allele frequencies of polymorphism F 239 in the growth hormone receptor gene in a population of Ayrshire cows]. Voprosy normativno-pravovogo regulirovaniya v veterinarii. 2020; (4): 117-120. (In Russ.)

19 Sánchez-Molano E., Tsiokos D., Chatzi-

plis D. et al. A practical approach to detect ancestral haplotypes in livestock populations. *BMC Genetics*. 2016; (17): 91. doi: <https://doi.org/10.1186/s12863-016-0405-2>.

20 Dolmatova I.Yu., Ganieva I.N., Kononenko T.V., Valitov F.R. Vzaimosvyaz' polimorfnykh genov prolaktina i somatotropina krupnogo rogatogo skota s molochnoy produktivnost'yu [The relationship of polymorphic genes of prolactin and bovine somatotropin with dairy productivity]. *Vestnik Bashkir State Agrarian University*. 2020; (1-53): 70-78. doi: 10.31563/1684-7628-2020-53-1-70-78. (In Russ.)

21 Makaev Sh.A., Tayguzin R.Sh., Lyapin O.A., Fomin A.V. Geneticheskaya kharakteristika kazakhskogo belogolovogo skota [Genetic characteristics of Kazakh white-headed cattle]. *Izvestia Orenburg State Agrarian University*. 2019; (6-80): 281-285. (In Russ.)

22 Selionova M.I., Chizhova L.N., Dubovskova M.P., Surzhikova Ye.S., Kononova L.V., Sharko G.N. Osobennosti polimorfizma genov gormona (GH), kal'paina (CAPN1) bykov-proizvoditeley myasnykh porod [Peculiarities of polymorphism of genes of growth hormone (GH), calpain (CAPN1) in bulls-producers of meat breeds]. *Animal Husbandry and Fodder Production*. 2017; (2-98): 65-72. (In Russ.)

23 Tkachenko I.V., Gridina S.L. Vliyanie polimorfnykh variantov genov kappa-kazeina i gormona rosta na molochnuyu produktivnost' pervotelok ural'skogo tipa [The effect of polymorphic variants of the kappa-casein and growth hormone genes on the milk productivity of the first-born Ural type heifers]. *Izvestiya of Timiryazev Agricultural Academy (TAA)*. 2018; (5): 87-95. doi: 10.26897/0021-342X-2018-5-87-95. (In Russ.)

24 Pozovnikova M.V., Tulinova O.V., Serdyuk G.N., Mitrofanova O.V. Svyaz' polimorfizma gena DGAT1 s khozyaystvenno poleznymi priznakami korov [Relation of DGAT1 gene polymorphism with economically useful traits of cows]. *Dairy and Beef Cattle Breeding*. 2017; (8): 9-12. (In Russ.)

25 Tkachenko I.V. Vzaimosvyaz' molochnoy produktivnosti pervotelok ural'skogo tipa i allelnykh variantov gena gormona rosta [The relationship between the milk productivity of the first heifers of the Ural type and allelic variants of the growth hormone gene]. *BIO*. 2019; (1-220): 16-17. (In Russ.)

26 Yaryshkin A.A. Vliyanie polimorfnykh variantov gena somatotropina na molochnuyu produk-

tivnost' korov [Effect of polymorphic variants of the somatotropin gene on dairy productivity of cows]. *Izvestia Orenburg State Agrarian University*. 2019; (6-80): 279-281. (In Russ.)

27 Vinogradova I.V., Kostyunina O.V., Sermyagin A.A., Kharzinova V.R., Zinov'eva N.A. Assotsiatsiya polimorfizma genov DGAT1 i GHR s pokazatelyami molochnoy produktivnosti korov cherno-pestroy porody [Association of polymorphism of GSTT1 and GHR genes with indicators of milk productivity of black-and-white cows]. *Dairy and Beef Cattle Breeding*. 2018; (2): 8-11. (In Russ.)

28 Association of single nucleotide polymorphisms in the cbfa2t1 and decr1 genes with performance and carcass merit of beef cattle: US20090117556 A1. US / Moore S.S., Marques E.F.; publication date 14.05.2009.

29 Gill, Jennifer L. et al. Association of selected SNP with carcass and taste panel assessed meat quality traits in a commercial population of Aberdeen Angus-sired beef cattle. *Genetics, selection, evolution*. 2009; (41-1): 36. doi:10.1186/1297-9686-41-36

Информация об авторах

A.B. Степанов – кандидат сельскохозяйственных наук, доцент; AuthorID: 694790.

O.C. Чеченихина – доктор биологических наук, доцент; AuthorID: 473811.

O.A. Быкова – доктор сельскохозяйственных наук, доцент; AuthorID: 663503.

O.G. Лоретц – доктор биологических наук, профессор; AuthorID: 370324

Information about the authors

A.V. Stepanov – Candidate of Agricultural Sciences, Associate Professor; AuthorID: 694790.

O.S. Chechenikhina – Doctor of Biological Sciences, Associate Professor; AuthorID: 473811.

O.A. Bykova – Doctor of Agricultural Sciences, Associate Professor; AuthorID: 663503.

O.G. Loretz – Doctor of Biological Sciences, Professor; AuthorID: 370324.

Статья поступила в редакцию 3.03.2022; одобрена после рецензирования 12.04.2022; принята к публикации 26.05.2022.

The article was submitted 3.03.2022; approved after reviewing 12.04.2022; accepted for publication 26.05.2022.