

РАЗВЕДЕНИЕ, СЕЛЕКЦИЯ, ГЕНЕТИКА / BREEDING, SELECTION, GENETICS

Научная статья / Scientific paper

УДК 636.082

DOI: 10.26897/2074-0840-2024-2-3-8

РАЗРАБОТКА И АПРОБАЦИЯ ТЕСТ-СИСТЕМЫ ДЛЯ СЕКВЕНИРОВАНИЯ ФРАГМЕНТА ГЕНА PRNP ДОМАШНИХ КОЗ

Н.Ф. БАКОЕВ, Т.Е. ДЕНИСКОВА ✉, **О.А. КОШКИНА, С.Н. ПЕТРОВ, Н.А. ЗИНОВЬЕВА**

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение
«Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста»,
Московская обл., городской округ Подольск, пос. Дубровицы, Российская Федерация;
✉ horarka@yandex.ru

DEVELOPMENT AND VALIDATION OF A TEST SYSTEM FOR SEQUENCING A FRAGMENT OF THE PRNP GENE OF DOMESTIC GOATS

N.F. BAKOEV, T.E. DENISKOVA ✉, **O.A. KOSHKINA, S.N. PETROV, N.A. ZINOVIEVA**

Federal Research Center of Animal Husbandry – VIZ named after Academician L.K. Ernst,
Moscow region, Podolsk city district, Dubrovitsy village, Russian Federation;
✉ horarka@yandex.ru

Аннотация. В статье представлены этапы разработки универсальной тест-системы, направленной на установление генотипа в кодонах целевого фрагмента 3 экзона гена прионового протеина (PRNP) у домашних коз (*Capra hircus*). Проведена апробация тест-системы. Выявлено наличие полиморфизма в целевом фрагменте 3 экзона гена PRNP у домашних коз. У 20 исследуемых образцов коз были выявлены различные аллельные варианты в кодонах 37, 40, 122, 142, 143, 146, 154, 211, 222, 240 и 244, соответственно. Разработанная тест-система позволит оценить уровень полиморфизма в целевом фрагменте гена PRNP у домашних коз различных пород, разводимых на территории Российской Федерации.

Ключевые слова: козы, секвенирование, гаплотипы, скрепи, прионовый протеин

Summary. The article presents the stages of development of a universal test system to establish the genotype in the codons of the target fragment of exon 3 of the prion protein (PRNP) gene in domestic goats (*Capra hircus*). The test system has been tested. The presence of polymorphism in the target fragment of exon 3 of the PRNP gene in domestic goats was revealed. In the 20 goat samples, various allelic variants were identified at codons 37, 40, 122, 142, 143, 146, 154, 211, 222, 240 and 244, respectively. The developed test system will allow us to assess the level of polymorphism in the target fragment of the PRNP gene in domestic goats of various breeds raised in the Russian Federation.

Keywords: goats, sequencing, haplotypes, scrapie, prion protein

Введение. Скрепи – фатальная болезнь мелкого рогатого скота из класса трансмиссивных губчатых энцефалопатий (transmissible spongiform encephalopathies TSE), приводящая к необратимым нейродегенеративным изменениям. Все эти болезни

вызываются прионами (патогенной изоформой белка с молекулярной массой 27-30 кДа), которые обладают такими специфическими свойствами, как длительный инкубационный период, устойчивость к высоким температурам, в том числе к кипячению, к обработке формальдегидом, а также к ультрафиолетовому и ионизирующему излучению [1, 2].

В силу специфичности поражения и медленного проявления клинической картины прижизненная диагностика скрепи затруднена или невозможна в условиях животноводческих предприятий. Тем не менее, хорошо известно, что устойчивость овец к классической скрепи зависит от генотипа в гене прионового протеина (PRNP) в кодонах 136, 154 и 171. Овцы, имеющие аллельный вариант аланин, аргинин и аргинин в кодонах 136, 154 и 171, резистентные, а особи с другим сочетанием аллелей восприимчивы к классической форме скрепи [3]. В связи с этим, генодиагностика у овец – это простой и надежный способ закреплять устойчивые генотипы в стадах. Так, например, в результате мониторинга по отнесению овец, разводимых в России, к классам генетической устойчивости к классическому скрепи, было выявлено, что 16% изучаемых грубошерстных овец характеризуются высокой восприимчивостью [4].

Исследования по установлению генетической резистентности коз к скрепи, в частности поиски информативных кодонов, активно ведутся в разных странах. Так, Европейская комиссия по биологическим опасностям (EFSA Panel on Biological Hazards (BIOHAZ)), основываясь на большом объеме полевых и экспериментальных данных, пришла

к выводу, что аллели K222 (лизин), D146 (аспарагиновая кислота) и S146 (серин) повышают генетическую устойчивость коз к классическому штамму скрепи, который естественным образом встречается в популяции коз ЕС [5]. Кроме того, согласно мнению ряда исследователей, аллель S127 (серин) также обеспечивает определенную защиту от заражения классическим скрепи как в естественных, так и в экспериментальных исследованиях [6, 7].

Все больше поисковых работ посвящено анализу полиморфизма в гене *PRNP* и выявлению несинонимичных однонуклеотидных полиморфизмов (SNP) в популяциях коз, разводимых в разных частях мира. Так, например, при проведении тестирования популяций двух греческих молочных и одной дамасской породы коз Vouzaki S. et al (2018) учитывали генотипы в кодонах 146, 211 и 222 [8]. Исследование полиморфизма гена *PRNP* у алжирских пород коз и у двух южно-итальянских аборигенных пород Южной Италии показало, что, во-первых, не более шести аллельных вариантов было выявлено у всех пород, за исключением аборигенной берберской породы (семь SNP); во-вторых, общие SNP присутствовали только в кодонах 154 и 240; в-третьих, все идентифицированные SNP были ранее описаны у других коз по всему миру [9]. Kim S.K. et al (2019) провели сравнительный анализ частот встречаемости генотипов и аллелей в гене *PRNP* у 211 корейских аборигенных коз и у животных, заразившихся скрепи. У корейских коз было обнаружено 12 SNP: 10 несинонимичных и 2 синонимичных. Дополнительно авторы провели оценку структурных изменений, вызванных несинонимичными SNP, с использованием алгоритма AMYCO, который предсказал относительно низкую склонность прионного белка к образованию амилоида у корейских черных коз [10]. В популяции нигерийских коз в гене *PRNP* были выявлены 29 SNP, из которых 14 были несинонимичными, при этом о 23 SNP сообщалось впервые. Обнаружены достоверные различия ($P < 0,001$) в частотах встречаемости аллелей в кодонах 139, 146, 154 и 193 у нигерийских коз по сравнению с козами, пораженными скрепи. Прогнозы предполагаемых структурных изменений, вызванных несинонимичными SNP, различались в зависимости от используемого статистического инструмента. Так, согласно расчетам, в программе Polyphen-2, R139S (аргинин – серин) и N146S (аспаргин – серин) были «безвредными», R154H (аргинин – гистидин) – «вероятно вредными»,

а T193I (треонин – изолейцин) – «возможно вредными», программа PROVEAN, наоборот, предсказала «нейтральность» для всех несинонимичных SNP [11].

Несмотря на некоторую противоречивость полученных данных, анализ современного состояния аллелофонда домашних коз по генотипам гена *PRNP*, в частности наличие или отсутствие полиморфизма, актуален и создает необходимую теоретическую базу для понимания природы генетической устойчивости домашних коз к скрепи. Кроме того, разработаны современные статические подходы по расчету вероятного влияния несинонимичных SNP на изменение структуры гена *PRNP*.

Цель исследований. Разработать и апробировать универсальную тест-систему, пригодную для определения нуклеотидной последовательности целевого фрагмента 3 экзона гена *PRNP* у домашних коз (*Capra hircus*). Выявить наличие полиморфизма в целевом фрагменте 3 экзона гена *PRNP* у домашних коз.

Материал и методика. В качестве биологического материала для разработки тест-системы была использована ткань (ушной выщип), полученная от пула домашних коз нескольких пород ($n=20$). В этом исследовании была важна не породная принадлежность каждого образца, а апробация тест-систему по принципу универсальности. Образцы ткани коз были получены из биобанка «Банк генетического материала домашних и диких видов животных и птицы» (зарегистрирован Минобрнауки РФ № 498808), созданной и поддерживаемой в ФГБНУ ФИЦ животноводства – ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста. Исследование проводили на базе оборудования центра коллективного пользования «Биоресурсы и биоинженерия сельскохозяйственных животных» ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста.

ДНК выделяли с использованием набора «ДНК-Экстран-2» (ЗАО «Синтол», Россия) по протоколу производителя. Проверку качества и количества выделенной тотальной ДНК осуществляли с использованием приборов Qubit 4.0 («Invitrogen/Life Technologies», США) и NanoDrop 8000 («Thermo-Fisher Scientific, Inc.», США), соответственно.

Для амплификации гена *PRNP* (прионный белок) коз были подобраны праймеры в соответствии с референсной последовательностью тринадцатой хромосомы коз, загруженной из базы Национального центра биотехнологической информации NCBI (номер доступа в GenBank: NC_030820.1) с помощью онлайн-ресурса Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) меж-ду позициями 46469716-46470476 п.н. (табл. 1).

Таблица 1. Последовательность праймеров для амплификации области третьего экзона гена *PRNP* у коз

Table 1. Sequence of primers for amplification of the region of the third exon of the *PRNP* gene in goats

Последовательность	Позиция, п.н.	G/C, %	Размер фрагмента
F- 5' - AGT TGG ATC CTG GTT CTC TTT GT	46469716-46469738	43	760 п.н.
R- 5' - GAA GGT TGC CCC TAT CCT ACT	46470476-46470456	52	

ПЦР амплификацию проводили на термоциклере Applied Biosystems SimpliAmp («Thermo-Fisher Scientific, Inc.», США) в конечном объеме 25 мкл, в том числе: 10 мкл реакционного буфера (2,5½ HF Reaction buffer), 10,25 мкл H₂O, 2,5 мкл dNTPs, 1 мкл смеси праймеров, 0,25 мкл SmartTaq HF-FuZZ ДНК полимеразы («Диалат Лтд.», Россия), 1 мкл ДНК.

Для определения оптимального температурного режима отжига праймеров, проводили градиентный ПЦР (рис. 1). В результате были подобраны следующие условия температурно-временного режима ПЦР: начальная денатурация (94°C в течение 5 мин); 94°C в течение 10 с., 64°C в течение 15 с., 72°C в течение 45 с. мин (35 цикла); заключительная элонгация (72°C в течение 7 мин).

Детекцию результатов ПЦР выполняли в 2%-ном агарозном геле с использованием колориметрической системы документации Uvitec FireReader V10 imaging System (Cleaver scientific, Великобритания) (рис. 2).

Очистку полученных ампликонов проводили с использованием набора для очистки ДНК из реакционной смеси и агарозного геля Cleanup Mini (ЗАО «Евроген», Россия). Секвенирование фрагментов проведено по методу Сэнгера на генетическом анализаторе «НАНОФОР-05» (Синтол, Россия). Выборочные ампликоны были отправлены в компанию ЗАО «Евроген» для проверки качества секвенирования.

Выравнивание секвенированных последовательностей и определение полиморфных сайтов кодонов проводили с использованием программ MEGA 11 и BioEdit 7.7.

Результаты исследований и их обсуждение. В результате исследований были определены нуклеотидные последовательности третьего экзона гена PRNP у 20 исследуемых образцов коз длиной 705 п.н. между позициями 46469766-46470461 референсной последовательности GenBank: NC_030820.1.

Были определены 14 полиморфных сайтов в позициях 110 п.н., 119 п.н., 126 п.н., 379 п.н., 414 п.н., 426 п.н., 428 п.н., 437 п.н., 461 п.н., 632 п.н., 664 п.н., 666 п.н., 718 п.н. и 729 п.н., соответственно (рис. 3).

Нуклеотидная последовательность была переведена в аминокислотную последовательность общей длиной в 235 аминокислот (с 23 по 257 кодон третьего экзона гена PRNP коз). Выявлено, что полиморфные позиции 126 п.н., 414 п.н. и 666 п.н. не повлияли на аллельные варианты кодонов третьего экзона гена PRNP у 20 коз.

В табл. 2 представлены кодоны, в которых наблюдался полиморфизм, приводящий к замене аминокислоты (табл. 2).

Полиморфизм в нуклеотидных позициях 110 п.н., 119 п.н., 379 п.н., 426 п.н., 428 п.н., 437 п.н., 461 п.н., 632 п.н., 664 п.н., 718 п.н. и 729 п.н. влияют на аллельные варианты кодонов 37, 40, 122, 142, 143, 146, 154, 211, 222, 240 и 244, соответственно. В кодонах 37, 40, 143 и 244 были обнаружены по два аллельных варианта с частотой встречаемости редкого варианта 5%: GV, RL, HR и TT, соответственно. Частота встречаемости редкого из двух вариантов аллелей была 10%

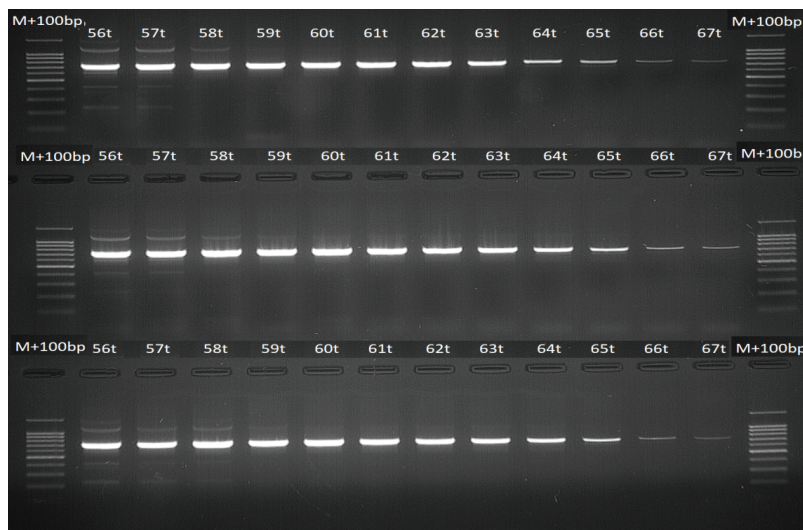


Рис. 1. Электрофореграмма результатов ПЦР-градиента третьего экзона гена PRNP на примере трех проб коз в 2%-ном агарозном геле

Fig. 1. Electropherogram of the results of PCR gradient of the third exon of the PRNP gene using the example of three goat samples in a 2% agarose gel

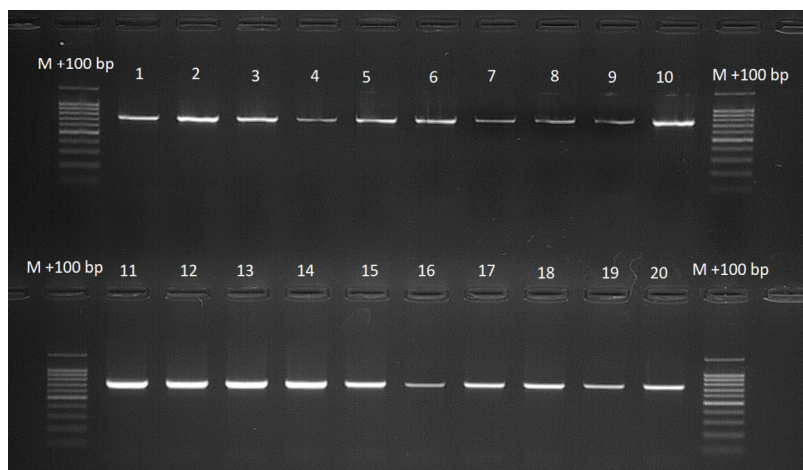


Рис. 2. Электрофореграмма результатов ПЦР-градиента третьего экзона гена PRNP на примере трех проб коз в 2%-ном агарозном геле

Fig. 2. Electropherogram of the results of PCR gradient of the third exon of the PRNP gene using the example of three goat samples in a 2% agarose gel

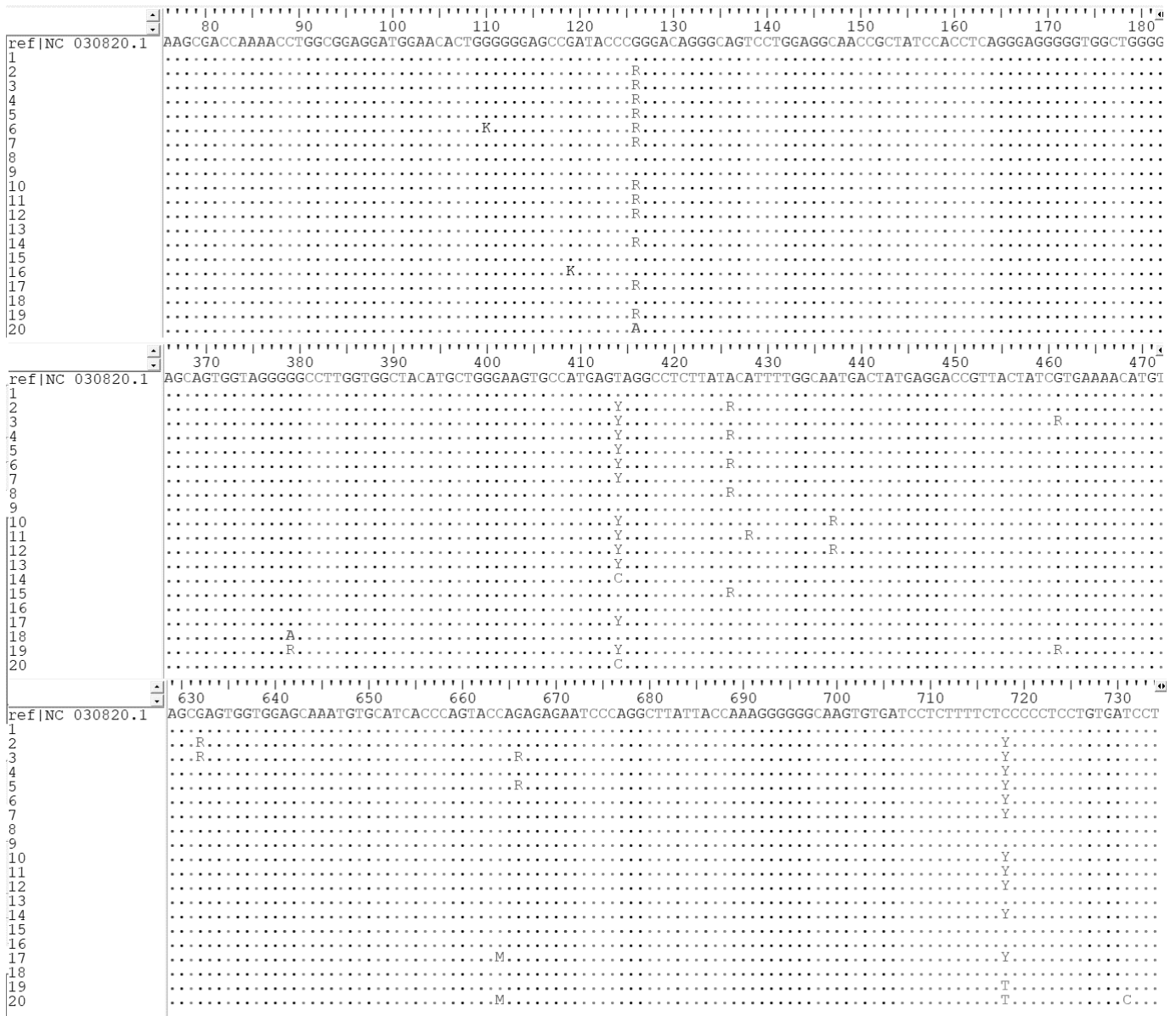


Рис. 3. Полиморфные сайты третьего экзона гена PRNP у 20 исследуемых домашних коз.

Fig. 3. Polymorphic sites of the third exon of the PRNP gene in 20 studied domestic goats.

Примечание: гетерозиготные позиции указаны следующим образом:

K – нуклеотиды GT, R – нуклеотиды GA, Y – нуклеотиды TC, M – нуклеотиды CA

в кодонах 146 (HR), 154 (RH), 211 (RQ) и 222 (QK). Частота встречаемости варианта IM составила 25% в кодоне 142. В двух кодонах были идентифицированы три аллельных варианта: SS, GS и GG в кодоне 122 и PS, PP и SS в кодоне 240. Тем не менее, если частота встречаемости вариантов SS и GS была по 5% каждого в кодоне 122, то генотип PP был выявлен у 35% исследуемых коз, PS – у 55% и SS – у 10% в кодоне 240, соответственно. Также было отмечено, что животные 1 и 9 характеризовались одинаковым гаплотипом по 11 кодонам гена PRNP (GRGIHNRQPI/GRGIHNRQPI), как и козы под номерами 5, 7 и 14 (GRGIHNRQPI/GRGIHNRQSI).

Сведения о идентифицированных SNP, приводящих или не приводящих к изменению кодируемой

аминокислоты, разнятся в аборигенных породах. Так, например, Kim S.K. et al (2019) установили достоверные различия в частотах встречаемости аллелей в кодонах 143 и 146 гена PRNP между козами, пораженными скрепи, и корейскими козами (p < 0,01). Однако частоты встречаемости аллелей в кодоне 222 не различались [10]. У нигерийских коз изменения аминокислот были выявлены только в кодонах 139, 146, 154 и 193 [11].

В исследуемых популяциях греческих и дамасских коз были обнаружены все аллели, которые, по мнению Vouraki S et al (2018), наиболее вероятно ассоциированы с устойчивостью к скрепи (146S, 146D, 211Q и 222K). Аллель 222K встречался с большей частотой у двух аборигенных греческих

Таблица 2. Аллельное разнообразие кодонов третьего экзона гена PRNP у 20 исследуемых образцов коз, исходя из полиморфных сайтов нуклеотидов

Table 2. Allelic diversity of codons of the third exon of the PRNP gene in 20 studied goat samples, based on polymorphic nucleotide sites

№№	Кодоны третьего экзона гена PRNP										
	37	40	122	142	143	146	154	211	222	240	244
1	GG	RR	GG	II	HH	NN	RR	RR	QQ	PP	II
2	GG	RR	GG	IM	HH	NN	RR	RQ	QQ	PS	II
3	GG	RR	GG	II	HH	NN	RH	RQ	QQ	PS	II
4	GG	RR	GG	IM	HH	NN	RR	RR	QQ	PS	II
5	GG	RR	GG	II	HH	NN	RR	RR	QQ	PS	II
6	GV	RR	GG	IM	HH	NN	RR	RR	QQ	PS	II
7	GG	RR	GG	II	HH	NN	RR	RR	QQ	PS	II
8	GG	RR	GG	IM	HH	NN	RR	RR	QQ	PP	II
9	GG	RR	GG	II	HH	NN	RR	RR	QQ	PP	II
10	GG	RR	GG	II	HH	NS	RR	RR	QQ	PS	II
11	GG	RR	GG	II	HR	NN	RR	RR	QQ	PS	II
12	GG	RR	GG	II	HH	NS	RR	RR	QQ	PS	II
13	GG	RR	GG	II	HH	NN	RR	RR	QQ	PP	II
14	GG	RR	GG	II	HH	NN	RR	RR	QQ	PS	II
15	GG	RR	GG	IM	HH	NN	RR	RR	QQ	PP	II
16	GG	RL	GG	II	HH	NN	RR	RR	QQ	PP	II
17	GG	RR	GG	II	HH	NN	RR	RR	QK	PS	II
18	GG	RR	SS	II	HH	NN	RR	RR	QQ	PP	II
19	GG	RR	GS	II	HH	NN	RH	RR	QQ	SS	II
20	GG	RR	GG	II	HH	NN	RR	RR	QK	SS	TT

Примечание: Аминокислоты: G – глицин, V – валин, R – аргинин, L – лейцин, S – серин, I – изолейцин, M – метионин, H – гистидин, N – аспаргин, Q – глутамин, K – лизин, P – пролин, T – треонин.

пород (5,87% и 5,92% у пород эгория и скопелос против 0,47% в дамасской породе), тогда как аллель 146S был более часто встречающимся у дамасских коз (6,05% против 0,17%). Тем не менее, гаплотипы, несущие одновременно несколько SNP, связанных с устойчивостью, не были обнаружены в исследуемой выборке [8].

В популяциях коз алжирских и южно-итальянских пород было выявлено, что изолейцин в кодоне 137 присутствовал только у алжирских пород. Итальянская порода чилентана имела больше общих вариантов с алжирскими породами. Серин в кодоне 127 был обнаружен только в итальянской породе аспромонтана. Желательный аллель, кодирующий лизин (K) в кодоне 222, был обнаружен у пород Нэн де Кабили и М’забите из Алжира с низкими частотами встречаемости (0,9 и 6,5%, соответственно) и присутствовал с частотой встречаемости выше 10% у всех итальянских пород, выращенных в регионах с повышенной заболеваемостью скрепи – в Калабрии и Кампании [9].

Интерпретируя полученные нами результаты в аспекте рекомендации EFSA [5], можно отметить, что аллели K222 и S146 присутствовали

в исследуемой выборке, что, вероятно, может быть оценено как хороший показатель. Тем не менее, необходимо провести массовое тестирование представителей пород и популяций коз, обитающих в нашей стране, для понимания полиморфизма в гене PRNP.

Выводы. В настоящем исследовании предложена универсальная тест-система для расшифровки нуклеотидной последовательности фрагмента третьего экзона гена PRNP у домашних коз длиной 705 п.н. У 20 исследуемых образцов коз были выявлены различные аллельные варианты в кодонах 37, 40, 122, 142, 143, 146, 154, 211, 222, 240 и 244, соответственно. Тест-система позволяет выявить аллельные варианты аминокислот с 23 по 257 кодона. Исследования будут продолжены для характеристики полиморфизма фрагмента гена PRNP в популяциях коз, разводимых в России.

КОНФЛИКТ ИНТЕРЕСОВ

Авторы заявляют об отсутствии у них конфликта интересов. Работа выполнена при поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (тема FGGN-2024-0015).

CONFLICT OF INTEREST

The authors declare that they have no conflict of interest. The work was carried out with the support of the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation (topic FGGN-2024-0015).

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

1. Зуев В.А., Кальнов С.Л., Куликова Н.Ю., Гребенникова Т.В. Современное состояние проблемы прионных болезней и причины их опасности для человека и животных • *Вопросы вирусологии*, 2020. № 65 (2). С. 71-76. DOI: 10.36233/0507-4088-2020-65-2-71-76.

Zuev V.A., Kalnov S.L., Kulikova N.Yu., Grebennikova T.V. Current state of the problem of prion diseases and the reasons for their danger to humans and animals • *Questions of Virology*, 2020. No. 65 (2). Pp. 71-76. DOI: 10.36233/0507-4088-2020-65-2-71-76.

2. Acín C., Bolea R., Monzón M. [et al.] Classical and Atypical Scrapie in Sheep and Goats. Review on the Etiology, Genetic Factors, Pathogenesis, Diagnosis, and Control Measures of Both Diseases • *Animals (Basel)*, 2021. No.11 (3). Pp. 691. DOI: 10.3390/ani11030691.

3. Hunter N. PrP genetics in sheep and the application for scrapie and BSE • *Trends Microbiol.*, 1997. No. 5. Pp. 331=334. DOI: 10.1016/S0966-842X(97)01081-0.

4. Денискова Т.Е., Костюнина О.В., Селионова М.И. [и др.]. Мониторинг генетической резистентности 14 российских пород овец к скрепи • *Овцы, козы, шерстяное дело*, 2019. № 1. С. 15-17.

Deniskova T.E., Kostyunina O.V., Selionova M.I. [et al.]. Monitoring of genetic resistance of 14 Russian sheep breeds to scrapie • *Sheep, goats, wool business*, 2019. No. 1. Pp. 15-17.

5. Ricci A., Allende A. [et al.]. EFSA Panel on Biological Hazards (BIOHAZ). Genetic resistance to transmissible spongiform encephalopathies (TSE) in goats • *EFSA J.*, 2017. No. 15 (8). Pp. e04962. DOI: 10.2903/j.efsa.2017.4962.

6. Goldmann W., Ryan K., Foster J. [et al.]. Caprine prion gene polymorphisms are associated with decreased incidence of classical scrapie in goat herds in the United Kingdom • *Vet. Res.*, 2011. No. 42. Pp. 110. DOI: 10.1186/1297-9716-42-110.

7. Dassanayake R.P., White S.N., Madsen-Bouterse S.A. [et al.]. Role of the PRNP S127 allele in experimental infection of goats with classical caprine scrapie • *Anim. Genet.*, 2015. No. 46. Pp. 341. DOI: 10.1111/age.12291.

8. Vouraki S., Gelasakis A.I., Alexandri P. [et al.]. Genetic profile of scrapie codons 146, 211 and 222 in the PRNP gene locus in three breeds of dairy goats • *PLoS One.*, 2018. No. 13 (6). P. e0198819. DOI: 10.1371/journal.pone.0198819.

9. Fantazi K., Migliore S., Kdidi S. [et al.]. Analysis of differences in prion protein gene (PRNP) polymorphisms between Algerian and Southern Italy's goats • *Ital. J. Anim. Sci.*, 2018. No.17. Pp. 578-585. DOI: 10.1080/1828051X.2017.1420430.

10. Kim S.K., Kim Y.C., Won S.Y., Jeong B.H. Potential scrapie-associated polymorphisms of the prion protein gene (PRNP) in Korean native black goats • *Sci Rep.*, 2019. No. 9 (1). Pp. 15293. DOI: 10.1038/s41598-019-51621-y.

11. Adeola A.C., Bello S.F., Abdussamad A.M. [et al.]. Scrapie-associated polymorphisms of the prion protein gene (PRNP) in Nigerian native goats • *Gene.*, 2023. No.855. Pp. 147121. DOI: 10.1016/j.gene.2022.147121.

ИНФОРМАЦИЯ ОБ АВТОРАХ

Некруз Фарходович Бакоев, канд. с.-х. наук, науч. сотрудник лаборатории популяционной и эволюционной геномики животных, тел.: (977) 106-19-22, e-mail: nekruz82@bk.ru;

Татьяна Евгеньевна Денискова, канд. биол. наук, доцент, вед. науч. сотрудник группы генетики и геномики мелкого рогатого скота, тел.: (916) 914-20-17, e-mail: horarka@yandex.ru;

Ольга Андреевна Кошкина, науч. сотрудник группы генетики и геномики мелкого рогатого скота, тел.: (926) 532-21-19, e-mail: olechka1808@list.ru;

Сергей Николаевич Петров, канд. биол. наук, ст. науч. сотрудник лаборатории популяционной и эволюционной геномики животных, тел.: (926) 270-97-81, e-mail: citelekle@gmail.com;

Наталья Анатольевна Зиновьева, доктор биол. наук, профессор, академик Российской академии наук, директор, тел.: (4967) 65-11-63, e-mail: priemnaya-vij@mail.ru

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста», Московская обл., городской округ Подольск, пос. Дубровицы, Российская Федерация; тел.: (916) 914-20-17, e-mail: horarka@yandex.ru

INFORMATION ABOUT THE AUTHORS

Nekruz F. Bakoev, Candidate of Agricultural Sciences, sci. employee of the Laboratory of Population and Evolutionary Genomics of animals, tel.: (977) 106-19-22, e-mail: nekruz82@bk.ru;

Tatyana E. Deniskova, Ph D. Biol. sciences, Associate Professor, ved. sci. employee of the Small cattle Genetics and Genomics Group, tel.: (916) 914-20-17, e-mail: horarka@yandex.ru;

Olga A. Koshkina, a scientist. Member of the Small Cattle Genetics and Genomics Group, tel.: (926) 532-21-19, e-mail: olechka1808@list.ru;

Sergey N. Petrov, Ph D. Biol. sciences, art. scientific employee of the Laboratory of Population and Evolutionary Genomics of animals, tel.: (926) 270-97-81, e-mail: citelekle@gmail.com;

Natalia A. Zinovieva, Doctor of Biology, Professor, Academician of the Russian Academy of Sciences, Director, tel.: (4967) 65-11-63, e-mail: priemnaya-vij@mail.ru

Federal Research Center of Animal Husbandry named after Academician L.K. Ernst, Moscow region, Podolsk city district, Dubrovitsy village, Russian Federation. tel.: (916) 914-20-17, e-mail: horarka@yandex.ru

Поступила в редакцию / Received 20.03.2024

Поступила после рецензирования / Revised 03.04.2024

Принята к публикации / Accepted 16.04.2024