

Животноводство и кормопроизводство. 2026. Т. 109. № 2. С. 96-107.
Animal Husbandry and Fodder Production. 2026. Vol. 109. No. 2. P. 96-107.

РАЗВЕДЕНИЕ, СЕЛЕКЦИЯ, ГЕНЕТИКА

Научная статья
УДК 636.082.11:636.088.5
doi: 10.33284/2658-3135-109-2-96

Оценка частот аллелей в полиморфизмах генов *CSN2*, *CSN3* и *DGAT1*, связанных с молочной продуктивностью, в древних и современных популяциях крупного рогатого скота

Маргарет Сержевна Форнара¹, Татьяна Евгеньевна Денискова²,
Александра Сергеевна Абдельманова³, Ольга Андреевна Кошкина⁴

^{1,2,3,4}Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста, Дубровицы, Россия

¹margaretfornara@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-8844-177X>

²horarka@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0002-5809-1262>

³abdelmanova@vij.ru, <https://orcid.org/0000-0003-4752-0727>

⁴i@koshkina-8.ru, <https://orcid.org/0000-0003-4830-6626>

Аннотация. В статье представлены результаты сравнительной оценки аллельного разнообразия трех однонуклеотидных полиморфизмов, связанных с молочной продуктивностью, в генах *DGAT1*, *CSN2*, *CSN3*. Объектами исследования являлись представители крупного рогатого скота, обитавшие на территории Ярославля в период XIII-XVIII веков. В качестве групп сравнения использованы биологические образцы современных представителей пород крупного рогатого скота молочного направления продуктивности (ярославской, холмогорской и голштинской). Генотипирование полиморфизмов проводили с использованием тест-систем на основе ПЦР в реальном времени. В полиморфизме rs109421300 гена *DGAT1* как для современных, так и для древних образцов выявлено преобладание аллеля Т, связанного с более высоким удоем и выходом белка, и пониженным содержанием жира в молоке. В полиморфизме rs43703016 гена *CSN3* преобладал аллель В, связанный с лучшей сыропригодностью молока, причем в современном и древнем ярославском скоте частота этого аллеля была несколько выше, чем в холмогорской и голштинской породах. В полиморфизме rs43703011 гена *CSN2* аллель G, связанный с более высоким удоем, доминировал в голштинской породе и у древнего скота, в то время как холмогорской и ярославской породах преобладал аллель Т, связанный с продуцированием «здорового» молока А2. Выявлено, что селекционная работа позволила повысить частоты встречаемости аллелей и генотипов, желательных с точки зрения уровня продуктивности и переработки молочной продукции, в популяции современной ярославской породы по сравнению со скотом средних веков.

Ключевые слова: крупный рогатый скот, древняя ДНК, гены молочной продуктивности, полиморфизмы, аллельное разнообразие

Благодарности: работа выполнена в соответствии с планом НИР 2024-2026 гг. ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста (№ FGGN-2024-0015); костные остатки крупного рогатого скота из археологических раскопок древнего Ярославля предоставлены сотрудниками Лаборатории естественнонаучных методов ФГБУН ИА РАН: канд. биол. наук, ст. науч. сотр. Е.Е. Антипиной и канд. ист. наук, ст. науч. сотр. Л.В. Яворской.

Для цитирования: Оценка частот аллелей в полиморфизмах генов *CSN2*, *CSN3* и *DGAT1*, связанных с молочной продуктивностью, в древних и современных популяциях крупного рогатого скота / М.С. Форнара, Т.Е. Денискова, А.С. Абдельманова, О.А. Кошкина // Животноводство и кормопроизводство. 2026. Т. 109. № 2. С. 96-107. [Fornara MS, Deniskova TE, Abdelmanova AS, Koshkina OA. Estimation of allele frequencies in *CSN2*, *CSN3* and *DGAT1* gene polymorphisms associated with milk production in ancient and modern cattle populations. Animal Husbandry and Fodder Production. 2026;109(2):96-107. (In Russ.)]. <https://doi.org/10.33284/2658-3135-109-2-96>

BREEDING, SELECTION, GENETICS

Original article

Estimation of allele frequencies in *CSN2*, *CSN3* and *DGATI* gene polymorphisms associated with milk production in ancient and modern cattle populations

Margaret S Fornara¹, Tatyana E Deniskova², Alexandra S Abdelmanova³, Olga A Koshkina⁴

^{1,2,3,4}Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member LK Ernst, Dubrovitsy, Russia

¹margaretfornara@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-8844-177X>

²horarka@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0002-5809-1262>

³abdelmanova@vij.ru, <https://orcid.org/0000-0003-4752-0727>

⁴i@koshkina-8.ru, <https://orcid.org/0000-0003-4830-6626>

Abstract. This article presents the results of a comparative assessment of the allelic diversity of three single-nucleotide polymorphisms associated with milk production in the *DGATI*, *CSN2*, and *CSN3* genes. The study subjects were representatives of cattle that inhabited the Yaroslavl region at the period of XIII-XVIII centuries. Biological samples of modern dairy cattle breeds (Yaroslavl, Kholmogory and Holstein) were used as comparison groups. Genotyping of the polymorphisms was performed using real-time PCR-based test systems. In the rs109421300 polymorphism of the *DGATI* gene, a predominance of the T allele, associated with higher milk yield and protein yield, and lower fat content in milk, was revealed in both modern and ancient samples. In the rs43703016 polymorphism of the *CSN3* gene, the allele B associated with improved cheese-making suitability of milk was predominant, with the frequency of this allele being slightly higher in modern and ancient Yaroslavl cattle than in the Kholmogory and Holstein breeds. In the rs43703011 polymorphism of the *CSN2* gene, the G allele, associated with higher milk yield, was dominant in the Holstein breed and ancient cattle, while the T allele, associated with the production of "healthy" A2 milk, was predominant in the Kholmogory and Yaroslavl breeds. It was found that selective breeding has increased the frequencies of alleles and genotypes desirable for dairy productivity and processing in the modern Yaroslavl breed population compared to medieval cattle.

Keywords: cattle, ancient DNA, dairy productivity genes, polymorphisms, allelic diversity

Acknowledgments: the work was supported in accordance to the plan of research works for 2024-2026 LK Ernst Federal Research Center (No. FGGN-2024-0015); the bone remains of cattle from the archaeological excavations of ancient Yaroslavl were provided by the staff of the Laboratory of Natural Science Methods in Archaeology of The Institute of Archaeology of the Russian Academy of Sciences: Antipina EE, Cand. Sci. (Biology), Senior Researcher; Yavorovskaya LV, Cand. Sci. (History), Senior Researcher.

For citation: Fornara MS, Deniskova TE, Abdelmanova AS, Koshkina OA. Estimation of allele frequencies in *CSN2*, *CSN3* and *DGATI* gene polymorphisms associated with milk production in ancient and modern cattle populations. *Animal Husbandry and Fodder Production*. 2026;109(2):96-107. (In Russ.). <https://doi.org/10.33284/2658-3135-109-2-96>

Введение.

В результате естественных эволюционных процессов в течение многих сотен и тысяч лет сформировалось огромное разнообразие местных популяций сельскохозяйственных животных (Xia X et al., 2023). Применение более эффективных программ направленной селекции в течение последних десятилетий ускорили генетическое изменение ряда пород. В результате этих процессов по всему миру наблюдаются тенденции, когда высокопродуктивные породы полностью или частично вытесняют местные, что вызывает обеспокоенность по поводу снижения генетического разнообразия (Santillo A et al., 2025; Wang X et al., 2025; Hastarina R et al., 2025).

Изучение эволюции пород сельскохозяйственных животных становится возможным благодаря вовлечению в исследования ископаемых образцов – носителей определенных аллельных сочетаний, способствующих формированию и закреплению в ходе отбора наиболее ценных качеств, определяющих уникальность породы (Dou M et al., 2023; Lyu W et al., 2022; Zheng Z et al., 2020).

Производство молока в мире продолжает расти, поскольку молочные продукты являются важнейшим источником питательных веществ для миллиардов людей (FAO, 2023). Поэтому интерес к исследованию механизмов, влияющих на молочную продуктивность и пригодность молока к переработке, не угасает (Ardicli S et al., 2023; Jiménez-Montenegro L et al., 2025; Cao L et al., 2026).

Гены *CSN2* (бета-казеин) и *CSN3* (каппа-казеин) крупного рогатого скота, расположены на 6-й хромосоме и кодируют основные белки молока.

В гене *CSN2* наибольший интерес представляет полиморфизм rs43703011 (85451298T>G), обуславливающий варианты A1 и A2, из-за их влияния на технологические характеристики молока и последствий для здоровья человека (Ковалюк Н.В. и др., 2024). Вариант A2 считается самым древним, от которого произошли остальные путем мутаций. Вариант A1 улучшает консистенцию творога, коагуляцию молока и размер мицелл, но приводит к более низкой усвояемости молока по сравнению с вариантом A2, может вызывать расстройства пищеварения (Sebastiani C et al., 2020).

В гене *CSN3* полиморфизм rs43703016 (85656772C>A), формирующий варианты белка A и B, является одним из наиболее изученных маркеров, определяющих технологические свойства молока и его пригодность для сыроделия. Установлено преимущество варианта B для показателей времени формирования сырного сгустка и его плотности (Kruchinin AG et al., 2023; Корнелаева М.В. и др., 2023). В то же время для варианта A выявлена связь с лучшей термостойкостью молока (Kruchinin AG et al., 2023).

Ген *DGAT1* (диацилглицерол О-ацилтрансфераза 1) крупного рогатого скота локализован на 14-й хромосоме, кодирует фермент, участвующий в метаболизме триглицеридов. Показано, что полиморфизм rs109421300 (609870T>C) в гене *DGAT1* связан с показателями удоя и составом молока. Так, аллель С был ассоциирован с более высоким содержанием жира, но низким содержанием белка и удоем, в то время как для аллеля Т отмечен сильный антагонизм по этим показателям по сравнению с аллелем С (Jiang J et al., 2019; Sanjayaranj I et al., 2023).

Оценка генетического разнообразия в полиморфных локусах, связанных с молочной продуктивностью, позволит получить новые знания об эволюции генома локальных пород скота в процессе формирования пород.

Цель исследования.

Оценить влияние селекционной работы на частоты встречаемости аллелей в генах, связанных с продуктивностью и составом молока, в популяциях молочного скота разных пород.

Материалы и методы исследования.

Объект исследования. Представители крупного рогатого скота, обитавшие на территории Ярославля в период XIII-XVIII веков, фрагменты костных останков которых были обнаружены в ходе археологических изысканий на территории Ярославского кремля (AR_YAR, n=18). В качестве групп сравнения были использованы биологические образцы (кровь, ткань) современных представителей трех пород крупного рогатого скота, в том числе: ярославской (YRSL, n=95), холмогорской (KHLM, n=119) и голштинской (HLST, n=125) пород, сохраняемые в биоресурсной коллекции «Банк генетического материала домашних и диких видов животных и птицы».

Обслуживание животных и экспериментальные исследования были выполнены в соответствии с инструкциями и рекомендациями нормативных актов: протоколы Женевской конвенции и принципы надлежащей лабораторной практики (Национальный стандарт Российской Федерации ГОСТ Р 53434-2009). При проведении исследований были предприняты меры для обеспечения минимума страданий животных и уменьшения количества исследуемых опытных образцов.

Схема эксперимента. Выделение ДНК из современных образцов проводили с использованием набора ДНК-Экстрен-2 (ООО «Синтол», Россия) в соответствии с протоколом, рекомендованным изготовителем. Выделение ДНК из костного порошка, полученного из древних образцов, проводили с использованием ранее описанной методики (Abdelmanova AS et al., 2020).

Оценку качества ДНК проводили путем измерения концентрации двухцепочечной ДНК на флуориметре Qubit 3.0 (Thermo Fisher Scientific, США) и коэффициента поглощения A260/A280 на спектрофотометре NanoDrop2000 (Thermo Fisher Scientific, США).

Генотипирование полиморфизмов в генах *DGAT1* (rs109421300), *CSN3* (rs43703016) и *CSN2* (rs43703011) проводили с помощью тест-систем на основе ПЦР в реальном времени с использованием амплификатора QuantStudio 5 (ThermoFisher Scientific, США).

Оборудование и технические средства. Исследования проводили на базе оборудования центра коллективного пользования «Биоресурсы и биоинженерия сельскохозяйственных животных» ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста. Флуориметр Qubit 3.0 (Thermo Fisher Scientific, США), спектрофотометр NanoDrop2000 (Thermo Fisher Scientific, США), амплификатор QuantStudio 5 (ThermoFisher Scientific, США).

Статистическая обработка. Частоты аллелей и генотипов рассчитывались путем деления количества копий каждого аллеля и генотипа на общее количество аллелей и на общее количество особей соответственно. Оценку нарушения равновесия Харди-Вайнберга с помощью критерия хи-квадрат, расчет наблюдаемой и несмещенной ожидаемой гетерозиготности, индекса фиксации проводили с использованием программного обеспечения GenAlEx v6.5 (Peakall R and Smouse PE, 2012). Принятые уровни значимости отклонения частот генотипов от равновесия Харди-Вайнберга $P \leq 0,05$ и $P \leq 0,01$.

Результаты исследования.

В ходе работы получены и проанализированы генотипы однонуклеотидных полиморфизмов, расположенных в генах *DGAT1* (rs109421300), *CSN3* (rs43703016) и *CSN2* (rs43703011), связанных с признаками молочной продуктивности. Дана характеристика распространения частот встречаемости генотипов и аллелей в современных популяциях по сравнению с выборкой древних образцов (табл. 1).

Таблица 1. Частоты встречаемости генотипов и аллелей в исследуемых полиморфизмах
 Table 1. Frequencies of genotypes and alleles in the studied polymorphisms

Исследуемый полиморфизм / Studied polymorphism	Показатель / Indicator	Генотип / Genotype	Группа / Group			
			HLST	KHLM	YRSL	YRSL_AR
1	2	3	4	5	6	7
rs109421300 (<i>DGAT1</i>)	Частота генотипов, % / Frequencies of genotypes, %	C/C	8,00	2,63	2,11	0,00
		T/C	40,80	9,21	36,84	7,14
		T/T	51,20	88,16**	61,05	92,86
	Частота аллелей, % / Frequencies of alleles, %	C	28,40	7,24	20,53	3,57
		T	71,60	92,76	79,47	96,43
	Количество голов, всего / Total number of animals, n		125	76	95	14
rs43703016 (<i>CSN3</i>)	Частота генотипов, % / Frequencies of genotypes, %	A/A	54,55	55,21	60,71	55,56
		A/C	37,37	37,50	35,71	44,44
		C/C	8,08	7,29	3,57	0,00
	Частота аллелей, % / Frequencies of alleles, %	A (B)	73,23	73,96	78,57	77,78
		C (A)	26,77	26,04	21,43	22,22
	Количество голов, всего / Total number of animals, n		99	96	28	18

Продолжение таблицы 1

1	2	3	4	5	6	7
rs43703011 (CSN2)	Частота генотипов, % / <i>Frequencies of genotypes, %</i>	T/T	20,00	36,97	46,88	14,29
		T/G	10,00	46,22	46,88	50,00
		G/G	70,00*	16,81	6,25	35,71
	Частота аллелей, % / <i>Frequencies of alleles, %</i>	T (A2)	25,00	60,08	70,31	39,29
		G (A1)	75,00	39,92	29,69	60,71
	Количество голов, всего / <i>Total number of animals, n</i>		10	119	32	14

Примечание: YRSL_AR – образцы из археологических раскопок Ярославля, современные образцы: YRSL – ярославская, KHLM – холмогорская, HLST – голштинская, * – $P \leq 0,05$, ** – $P \leq 0,01$. Вне скобок указана нуклеотидная замена в полиморфизме, в скобках указано общепринятое наименование аллелей

Note: YRSL_AR – samples from archaeological excavations of Yaroslavl, modern samples: YRSL – Yaroslavl, KHLM – Kholmogory, HLST – Holstein, * – $P \leq 0.05$, ** – $P \leq 0.01$. The nucleotide substitution in the polymorphism is indicated outside the brackets; the generally accepted name of the alleles is indicated in the brackets

Как видно из данных таблицы 1, в гене *DGAT1* во всех современных породах преобладал гомозиготный генотип T/T, связанный с высоким содержанием белка. Причем в современной холмогорской породе этот генотип встречался достоверно ($P \leq 0,01$) чаще (88,16 %). Наименьшая частота встречаемости обнаружена в голштинской породе (51,20 %). В образцах из средневекового Ярославля в гене *DGAT1* преобладал генотип T/T (92,86 %), генотипов C/C выявлено не было.

В гене *CSN3* во всех современных породах преобладал гомозиготный генотип A/A. Причем среди современных пород наиболее часто (60,71 %) он встречался в ярославской породе, а наименее часто – в голштинской (54,55 %). В образцах из средневекового Ярославля преобладал генотип A/A (55,56 %), генотипов C/C выявлено не было. Частоты аллелей в группе древних образцов сопоставимы с показателями для современной ярославской породы. Однако выявленные особенности находятся на уровне тенденции, поскольку статистически значимые различия в частотах встречаемости генотипов не были обнаружены ни в одной группе.

В гене *CSN2* во всех современных породах преобладал гомозиготный генотип G/G. Причем среди современных пород наиболее часто (70 %) он встречался в голштинской породе, а наименее часто – в ярославской (6,25 %). В образцах из средневекового Ярославля обнаружены все три возможных генотипа, но преобладал генотип T/G (50 %). Частоты аллелей в группе древних образцов отличаются от показателей для современной ярославской породы и ближе по значениям к голштинской породе. Значимые различия ($P \leq 0,05$) в частотах генотипов для этого гена обнаружены только у голштинской породы.

Помимо анализа частот встречаемости генотипов и аллелей для исследованных популяций была проведена оценка уровня гетерозиготности и степени фиксации аллелей в изучаемых полиморфизмах (табл. 2).

В гене *DGAT1* у холмогорской породы выявлен недостаток гетерозиготности, о чем свидетельствуют положительные значения индекса фиксации ($F=0,314$). В голштинской породе и древних образцах наблюдался некоторый избыток гетерозиготности, ($H_o=-0,003$ и $H_o=-0,037$ соответственно). Максимальный избыток гетерозиготности обнаружен в современной ярославской породе ($H_o=-0,129$).

В гене *CSN3* при оценке индекса фиксации в холмогорской и голштинской породах наблюдался недостаток, а в ярославском скоте (современном и древнем) – избыток гетерозиготности. Причем в группе древних образцов значения индекса фиксации превосходили (по модулю) значения в других популяциях в 4-11 раз, что свидетельствует о большем генетическом разнообразии по данному локусу в средние века.

Таблица 2. Характеристика генетического разнообразия исследуемых популяций крупного рогатого скота

Table 2. Characteristics of genetic diversity of the studied cattle populations

Исследуемый полиморфизм/ <i>Studied polymorphism</i>	Показатель/ <i>Indicator</i>	Группа/ <i>Group</i>			
		HLST	KHLM	YRSL	YRSL_AR
rs109421300 (<i>DGATI</i>)	Ho	0,408	0,092	0,368	0,071
	uHe	0,408	0,135	0,328	0,071
	F	-0,003	0,314	-0,129	-0,037
rs43703016 (<i>CSN3</i>)	Ho	0,374	0,375	0,357	0,444
	uHe	0,394	0,387	0,343	0,356
	F	0,047	0,026	-0,061	-0,286
rs43703011 (<i>CSN2</i>)	Ho	0,100	0,462	0,469	0,500
	uHe	0,395	0,482	0,424	0,495
	F	0,733	0,036	-0,123	-0,048

Примечание: YRSL_AR – образцы из археологических раскопок Ярославля, современные образцы: YRSL – ярославская, KHLM – холмогорская, HLST – голштинская; Ho – наблюдаемая гетерозиготность, uHe – несмещенная ожидаемая гетерозиготность, F – индекс фиксации

Note: YRSL_AR – samples from archaeological excavations of Yaroslavl, modern samples: YRSL – Yaroslavl, KHLM – Kholmogory, HLST – Holstein, Ho – observed heterozygosity, uHe – unbiased expected heterozygosity, F – fixation index

В гене *CSN2* при оценке индекса фиксации в холмогорской и голштинской породах наблюдался недостаток гетерозиготности, максимальный в голштинской породе ($F=0,733$). У ярославского скота наблюдался избыток гетерозиготности, причем наибольшие значения ($F=-0,123$) выявлены в группе древних образцов.

Обсуждение полученных результатов.

Проведенное генетическое исследование современных пород крупного рогатого скота и археологических образцов выявило различия в распределении генотипов, ассоциированных с ключевыми хозяйственно-полезными признаками, что свидетельствует о направленной селекционной работе в молочном скотоводстве. Показано, что даже в рамках общего направления продуктивности отличающаяся селекционная работа может привести к формированию и закреплению специфичных аллельных комбинаций в разных породах. Так, например, в исследовании локальных российских пород на основании данных полногеномного SNP-генотипирования (Zinovieva NA et al., 2020) выявлено, что значительное количество генов под давлением отбора, связанных с показателями молочной продуктивности, состава молока и фертильности самцов в холмогорской породе, в то время как в ярославской породе преимущественно выявлены гены, связанные с липидным обменом и фертильностью самок, что отражает разные условия разведения при формировании указанных пород.

Проведенный ранее анализ частот встречаемости аллелей в генах, связанных с молочной продуктивностью, не выявил полиморфизма в гене *DGATI* у археологических образцов (Форнара М.С. и др., 2025). Это, вероятно, было следствием малого размера выборки, связанным с высокой стоимостью и сложностью получения данных полногеномного секвенирования древней ДНК. Расширение выборки образцов, датированных периодом XIII-XVIII веков, в настоящем исследовании позволило уточнить историческую тенденцию распространения альтернативных аллелей у ярославского скота, а также в других породах молочного направления продуктивности. Так, высокая частота аллеля Т, связанного с повышенным удоем, но пониженным содержанием белка и жира в молоке (Jiang J et al., 2019) была характерна как для средневекового скота (96,43 %), так и для всех современных пород (71,60-92,76 %). Важно отметить, что полиморфизм rs109421300 является

важным маркером развития признаков молочной продуктивности. Его плеiotропный эффект подтвержден с высокой статистической значимостью (Bakhshalizadeh S et al, 2021).

Выявлены различия в частотах аллелей гена *CSN2*, определяющих тип производимого молока (A1/A2) для разных пород крупного рогатого скота. В изученной нами выборке голштинского скота преобладал аллель *CSN2*, ассоциированный с вариантом бета-казеина A1 (75 %), что, однако же, может быть следствием малой выборки образцов для этой породы. В то же время в популяциях голштинской породы, разводимых в других странах, отмечается преобладание аллеля A2 с колебаниями от 45,6 % (турецкая популяция) до 69% (голландская популяция) (Cieślińska A et al., 2019).

В российских локальных породах частоты аллеля T, связанного с молоком A2, в холмогорской и ярославской породах составляли 60,08 % и 70,31 % соответственно. Эти данные согласуются с результатами исследования частот аллелей в гене *CSN2* в греческих локальных породах крупного рогатого скота, показавшими вариацию от 58,7 % в породе *Vrachykeratiki* до 100 % в породах *Sykias* и *Katerinis* (Antonopoulos D et al., 2021). Интересно отметить, что при этом археологические образцы из Ярославля демонстрируют высокую частоту (60,71 %) аллеля G, связанного с молоком A1.

Сложившаяся картина может быть следствием разнонаправленной селекционной работы в породах, с одной стороны, указывая на преобразование генофонда пород под воздействием потребительского спроса на молоко A2, а с другой, свидетельствуя о предпочтительном отборе животных с генотипом A1, связанном с более высоким удоем (Marino ED et al., 2024) или лучшей сыропригодностью молока (Bisutti V et al., 2022). Однако же следует отметить, что в последнее время появляются работы, указывающие на неоднозначность влияния аллелей A1 и A2 на признаки молочной продуктивности и технологические свойства молока (Ardicli S et al., 2023; Корнелаева М.В. и др., 2024; Zinbius L et al., 2025; Jiménez-Montenegro L et al., 2025), что подчеркивает необходимость дальнейшего всестороннего изучения генетики молочных признаков.

Распределение генотипов по гену *CSN3*, влияющему на сыропригодность молока, оказалось наиболее сбалансированным. Отсутствие резких отклонений от равновесия Харди-Вайнберга и сходство аллельных частот у древнего и современного ярославского скота, возможно, говорят о меньшем или же однонаправленном селекционном давлении. В наших исследованиях не выявлено больших различий между частотами аллеля A, значения которых в разных породах варьировали от 73,23 % в голштинской до 78,57 % в современной ярославской. В работах других авторов показано неравномерное распространение аллеля A, связанного с лучшей сыропригодностью молока, в современных популяциях молочных пород скота. Так, при анализе айрширской, голштинской и джерсейской пород частоты аллеля A составили 23 %, 41 % и 87 % соответственно (Ковалюк Н.В. и др., 2024).

Заключение.

Таким образом, современный генофонд молочного скота несет в себе хорошо идентифицируемые следы целенаправленной селекции по генам, связанным с молочной продуктивностью и составом молока. При этом интенсивность и направление селекционной работы в российских локальных породах отличались от голштинской. Селекционная работа позволила повысить частоты встречаемости аллелей и генотипов, желательных с точки зрения уровня продуктивности и переработки молочной продукции, в популяции современной ярославской породы по сравнению со скотом средних веков.

Список источников

1. Корнелаева М.В., Карликова Г.Г., Сермягин А.А. Влияние генотипа по гену каппа-казеина на время сычужного свертывания молока коров // *Journal of Agriculture and Environment*. 2023. № 12(40). URL: <https://jae.cifra.science/archive/12-40-2023-december/10.23649/JAE.2023.40.5> (дата обращения: 20.02.2026). [Kornelaeva MV, Karlikova GG, Sermyagin AA. Effect of genotype for the kappa-casein gene on milk curdling time in cows. *Journal of Agriculture and Environment*.

2023;12(40). URL: <https://jae.cifra.science/archive/12-40-2023-december/10.23649/JAE.2023.40.5> (data obrashcheniya: 20.02.2026). (*In Russ.*)]]. doi: 10.23649/JAE.2023.40.5

2. Корнелаева М.В., Карликова Г.Г., Сермягин А.А. Влияние генотипа по гену CSN2 на качественные и количественные характеристики молока коров голштинской породы // Journal of Agriculture and Environment. 2024. № 8(48). URL: <https://jae.cifra.science/archive/8-48-2024-august/10.60797/JAE.2024.48.2> (дата обращения: 20.02.2026). [Kornelaeva MV, Karlikova GG, Sermiyagin AA. Influence of CSN2 genotype on qualitative and quantitative characteristics of Holstein cows' milk. Journal of Agriculture and Environment. 2024;8(48). URL: <https://jae.cifra.science/archive/8-48-2024-august/10.60797/JAE.2024.48.2> (data obrashcheniya: 20.02.2026). (*In Russ.*)]]. doi: 10.60797/JAE.2024.48.2

3. Структура субпопуляций айрширского, голштинского и джерсейского скота Южных регионов России по CSN2 (rs43703011), CSN3 (rs43703016) и микросателлитным локусам (BM1818, BM1824, BM2113, ETH10, ETH225, ETH3, INRA023, SPS115, TGLA126, TGLA122, TGLA227, TGLA53) / Н.В. Ковалюк, А.Е. Волченко, Е.В. Ширяева, Л.И. Якушева, Ю.Ю. Шахназарова // Генетика. 2024. Т. 60. № 3. С. 49-58. [Kovalyuk NV, Volchenko AE, Shiryaeva EV, Yakusheva LI, Shakhnazarova YuYu. Structure of subpopulations of Ayrshire, Holstein, and Jersey cattle in the Southern Regions of Russia by CSN2 (rs43703011), CSN3 (rs43703016), and microsatellite loci (BM1818, BM1824, BM2113, ETH10, ETH225, ETH3, INRA023, SPS115, TGLA126, TGLA122, TGLA227, TGLA53). Russian Journal of Genetics. 2024;60(3):49-58. (*In Russ.*)]]. doi: 10.31857/S0016675824030055

4. Форнара М.С., Абдельманова А.С., Соловьева А.Д. Исследование полиморфизмов в генах DGAT1 и LEP для локальных пород крупного рогатого скота // Молочное и мясное скотоводство. 2025. № 6. С. 8-11. [Fornara MS, Abdelmanova AS, Solovieva AD. Study of polymorphisms in the DGAT1 and LEP genes for local cattle breeds. Journal of Dairy and Beef Cattle Breeding. 2025;6:8-11. (*In Russ.*)]]. doi: 10.33943/MMS.2025.97.58.002

5. Abdelmanova AS, Kharzinova VR, Volkova VV, Mishina AI, Dotsev AV, Sermiyagin AA, Boronetskaya OI, Petrikeeva LV, Chinarov RY, Brem G, Zinovieva NA. Genetic diversity of historical and modern populations of Russian cattle breeds revealed by microsatellite analysis. Genes. 2020;11(8):940. doi: 10.3390/genes11080940

6. Antonopoulos D, Vougiouklaki D, Laliotis GP, Tsironi T, Valasi I, Chatzilazarou A, Halvatsiotis P, Houhoula D. Identification of polymorphisms of the CSN2 gene encoding β -Casein in Greek local breeds of cattle. Veterinary Sciences. 2021;8(11):257. doi: 10.3390/vetsci8110257

7. Ardicli S, Aldevir O, Aksu E, Gumen A. The variation in the beta-casein genotypes and its effect on milk yield and genomic values in Holstein-Friesian cows. Animal Biotechnology. 2023;34(8):4116-4125. doi: 10.1080/10495398.2023.2267614

8. Bakhshalizadeh S, Zerehdaran S, Javadmanesh A. Meta-analysis of genome-wide association studies and gene networks analysis for milk production traits in Holstein cows. Livestock Science. 2021;250:104605. doi: 10.1016/j.livsci.2021.104605

9. Bisutti V, Pegolo S, Giannuzzi D, Mota LFM, Vanzin A, Toscano A, Trevisi E, Ajmone Marsan P, Brasca M, Cecchinato A. The β -casein (CSN2) A2 allelic variant alters milk protein profile and slightly worsens coagulation properties in Holstein cows. Journal of Dairy Science. 2022;105(5):3794-3809. doi: 10.3168/jds.2021-21537

10. Cao L, Han J, Li G, Liu K, Gao W, Yang Z, Dong Y, Du Y, Du X, Song Y, Li X, Lei L, Gao W, Liu G. β -Hydroxybutyrate in subclinical ketosis promotes endoplasmic reticulum biogenesis and milk protein synthesis via IRE1 α -XBP1 in bovine mammary epithelial cells. Journal of Dairy Science. 2026;109(3):2955-2968. doi: 10.3168/jds.2025-27182

11. Cieślińska A, Fiedorowicz E, Zwierzchowski G, Kordulewska N, Jarmołowska B, Kostyra E. Genetic polymorphism of β -Casein gene in polish red cattle—preliminary study of A1 and A2 frequency in genetic conservation herd. Animals. 2019;9(6):377. doi: 10.3390/ani9060377

12. Dou M, Li M, Zheng Z, Chen Q, Wu Y, Wang J, Shan H, Wang F, Dai X, Li Y, Yang Z, Tan G, Luo F, Chen L, Shi YS, Wu JW, Luo X-J, Asadollahpour Nanaei H, Niyazbekova Z, Zhang G, Wang W, Zhao S, Zheng W, Wang X, Jiang Y. A missense mutation in RRM1 contributes to animal tameness. *Science Advances*. 2023;9(25): eadf4068. doi: 10.1126/sciadv.adf4068
13. FAO. Dairy Market Review – Emerging trends and outlook in 2023. Italy, Rome: FAO; 2023:9 p. [Internet]. Available from: <https://openknowledge.fao.org/handle/20.500.14283/cc9105en> (cited 20.02.2026).
14. Hastarina R, Purnomoadi A, Sutopo S, Lestari D A, Mustofa F, Gariri P N, Prahara P G, Kamila F T, Philco S V, Da'i M A M, Setiaji A. Analysis of genetic diversity and phylogenetic relationships among Indonesian native cattle breeds using microsatellite markers: A review. *Veterinary World*. 2025;18(4):1036-1046. doi: 10.14202/vetworld.2025.1036-1046
15. Jiang J, Ma L, Prakapenka D, VanRaden PM, Cole JB, Da Y. A large-scale genome-wide association study in U.S. Holstein cattle. *Frontiers in Genetics*. 2019;10:412. doi: 10.3389/fgene.2019.00412
16. Jiménez-Montenegro L, Alfonso L, Soret B, Mendizabal JA, Urrutia O. Transcriptomic profiling of milk fat globules in cows with different β -casein genotypes. *Scientific Reports*. 2025;15(1):33511. doi: 10.1038/s41598-025-17503-2
17. Kruchinin AG, Illarionova EE, Galstyan AG, Turovskaya SN, Bigaeva AV, Bolshakova EI, Strizhko MN. Effect of *CSN3* gene polymorphism on the formation of milk gels induced by physical, chemical, and biotechnological factors. *Foods*. 2023;12(9):1767. doi: 10.3390/foods12091767
18. Lyu W, Dai X, Beaumont M, Yu F, He Z. Inferring the timing and strength of natural selection and gene migration in the evolution of chicken from ancient DNA data. *Molecular Ecology Resources*. 2022;22(4):1362-1379. doi: 10.1111/1755-0998.13553
19. Marino ED, da Fonseca DCM, Vasconcellos AN, de Sousa Oliveira LMF, de Macedo Santos AF, de Carvalho Balieiro JC, Vidal AMC. Effect of A1 and A2 alleles of *CSN2* gene on yield, composition traits, and somatic cell count of milk from cows of contrasting genotypes in Brazil. *Genetics and Molecular Research*. 2024;23(4):1-12. doi: 10.4238/gmr2348
20. Peakall R, Smouse PE. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—an update. *Bioinformatics*. 2012;28(19):2537-2539. doi: 10.1093/bioinformatics/bts460
21. Sanjayaraj I, MacGibbon AKH, Holroyd SE, Janssen PWM, Blair HT, Lopez-Villalobos N. Association of single nucleotide polymorphism in the *DGAT1* gene with the fatty acid composition of cows milked once and twice a day. *Genes*. 2023;14(3):767. doi: 10.3390/genes14030767
22. Santillo A, Della Malva A, Albenzio M. Preserving biodiversity of sheep and goat farming in the Apulia Region. *Animals*. 2025;15(11):1610. doi: 10.3390/ani15111610
23. Sebastiani C, Arcangeli C, Ciullo M, Torricelli M, Cinti G, Fisichella S, Biagetti M. Frequencies evaluation of β -Casein gene polymorphisms in dairy cows reared in Central Italy. *Animals*. 2020;10(2):252. doi: 10.3390/ani10020252
24. Wang X, Nursyifa C, Aninta SG, Garcia-Erill G, Bertola LD, Khan A, Kuja J, Hanghøj K, Meisner J, Bøggild T, Bradshaw CJA, Al-Chaer A, Persada AP, Priyono DS, Tribudi YA, Sudrajad P, Gaina CD, Jiang Y, Lenstra JA, Cauble-Sims R, Rosen BD, Hagen DE, Heaton MP, Smith TPL, Frantz L, Larson G, Sinding M-HS, Solihin DD, Agil M, Purwantara B, Heller R. The genetic diversity of Indonesian cattle has been shaped by multiple introductions and adaptive introgression. *Nature Communications*. 2025;16(1):8192. doi: 10.1038/s41467-025-62692-z
25. Xia X, Qu K, Wang Y, Sinding M-HS, Wang F, Hanif Q, Ahmed Z, Lenstra JA, Han J, Lei C, Chen N. Global dispersal and adaptive evolution of domestic cattle: a genomic perspective. *Stress Biology*. 2023;3(1):8. doi: 10.1007/s44154-023-00085-2
26. Zheng Z, Wang X, Li M, Li Y, Yang Z, Wang X, Pan X, Gong M, Zhang Y, Guo Y, Wang Y, Liu J, Cai Y, Chen Q, Okpeku M, Colli L, Cai D, Wang K, Huang S, Sonstegard T S, Esmailizadeh A, Zhang W, Zhang T, Xu Y, Xu N, Yang Y, Han J, Chen L, Lesur J, Daly KG, Bradley DG, Hel-

ler R, Zhang G, Wang W, Chen Y, Jiang Y. The origin of domestication genes in goats. *Science Advances*. 2020;6(21): eaaz5216. doi: 10.1126/sciadv.aaz5216

27. Zinovieva NA, Dotsev AV, Sermyagin AA, Deniskova TE, Abdelmanova AS, Kharzino-va VR, Sölkner J, Reyer H, Wimmers K, Brem G. Selection signatures in two oldest Russian native cattle breeds revealed using high-density single nucleotide polymorphism analysis. *PLoS ONE*. 2020;15(11):e0242200. doi: 10.1371/journal.pone.0242200

28. ZinBius L, Keuter L, Krischek C, Jessberger N, Cramer B, Plötz M. Influence of the β -Casein genotype of cow's milk (A1, A2) on the quality and β -Casomorphin-7 (BCM-7) content of a semi-hard cheese during production. *Foods*. 2025;14(3):463. doi: 10.3390/foods14030463

References

1. Kornelaeva MV, Karlikova GG, Sermyagin AA. Effect of genotype for the kappa-casein gene on milk curdling time in cows. [Internet] *Journal of Agriculture and Environment*. 2023;12(40). Available from: <https://jae.cifra.science/archive/12-40-2023-december/10.23649/JAE.2023.40.5> (cited 2026 Feb 20). doi: 10.23649/JAE.2023.40.5

2. Kornelaeva MV, Karlikova GG, Sermyagin AA. Influence of CSN2 genotype on qualitative and quantitative characteristics of Holstein cows' milk. [Internet] *Journal of Agriculture and Environment*. 2024;8(48). Available from: <https://jae.cifra.science/archive/8-48-2024-august/10.60797/JAE.2024.48.2> (cited 2026 Feb 20). doi: 10.60797/JAE.2024.48.2

3. Kovalyuk NV, Volchenko AE, Shiryayeva EV, Yakusheva LI, Shakhnazarova YuYu. Structure of subpopulations of Ayrshire, Holstein, and Jersey cattle in the Southern Regions of Russia by CSN2 (rs43703011), CSN3 (rs43703016), and microsatellite loci (BM1818, BM1824, BM2113, ETH10, ETH225, ETH3, INRA023, SPS115, TGLA126, TGLA122, TGLA227, TGLA53). *Russian Journal of Genetics*. 2024;60(3):49-58. doi: 10.31857/S0016675824030055

4. Fornara MS, Abdelmanova AS, Solovieva AD. Study of polymorphisms in the DGAT1 and LEP genes for local cattle breeds. *Journal of Dairy and Beef Cattle Breeding*. 2025;6:8-11. doi: 10.33943/MMS.2025.97.58.002

5. Abdelmanova AS, Kharzinova VR, Volkova VV, Mishina AI, Dotsev AV, Sermyagin AA, Boronetskaya OI, Petrikeeva LV, Chinarov RY, Brem G, Zinovieva NA. Genetic diversity of historical and modern populations of Russian cattle breeds revealed by microsatellite analysis. *Genes*. 2020;11(8):940. doi: 10.3390/genes11080940

6. Antonopoulos D, Vougiouklaki D, Laliotis GP, Tsironi T, Valasi I, Chatzilazarou A, Halvatsiotis P, Houhoula D. Identification of polymorphisms of the CSN2 gene encoding β -Casein in Greek local breeds of cattle. *Veterinary Sciences*. 2021;8(11):257. doi: 10.3390/vetsci8110257

7. Ardicli S, Aldevir O, Aksu E, Gumen A. The variation in the beta-casein genotypes and its effect on milk yield and genomic values in Holstein-Friesian cows. *Animal Biotechnology*. 2023;34(8):4116-4125. doi: 10.1080/10495398.2023.2267614

8. Bakhshalizadeh S, Zerehdaran S, Javadmanesh A. Meta-analysis of genome-wide association studies and gene networks analysis for milk production traits in Holstein cows. *Livestock Science*. 2021;250:104605. doi: 10.1016/j.livsci.2021.104605

9. Bisutti V, Pegolo S, Giannuzzi D, Mota LFM, Vanzin A, Toscano A, Trevisi E, Ajmone Marsan P, Brasca M, Cecchinato A. The β -casein (CSN2) A2 allelic variant alters milk protein profile and slightly worsens coagulation properties in Holstein cows. *Journal of Dairy Science*. 2022;105(5):3794-3809. doi: 10.3168/jds.2021-21537

10. Cao L, Han J, Li G, Liu K, Gao W, Yang Z, Dong Y, Du Y, Du X, Song Y, Li X, Lei L, Gao W, Liu G. β -Hydroxybutyrate in subclinical ketosis promotes endoplasmic reticulum biogenesis and milk protein synthesis via IRE1 α -XBP1 in bovine mammary epithelial cells. *Journal of Dairy Science*. 2026;109(3):2955-2968. doi: 10.3168/jds.2025-27182

11. Cieślińska A, Fiedorowicz E, Zwierzchowski G, Kordulewska N, Jarmołowska B, Kostyra E. Genetic polymorphism of β -Casein gene in polish red cattle—preliminary study of A1 and A2 frequency in genetic conservation herd. *Animals*. 2019;9(6):377. doi: 10.3390/ani9060377
12. Dou M, Li M, Zheng Z, Chen Q, Wu Y, Wang J, Shan H, Wang F, Dai X, Li Y, Yang Z, Tan G, Luo F, Chen L, Shi YS, Wu JW, Luo X-J, Asadollahpour Nanaei H, Niyazbekova Z, Zhang G, Wang W, Zhao S, Zheng W, Wang X, Jiang Y. A missense mutation in RRM1 contributes to animal tameness. *Science Advances*. 2023;9(25): eadf4068. doi: 10.1126/sciadv.adf4068
13. FAO. Dairy Market Review – Emerging trends and outlook in 2023. Italy, Rome: FAO; 2023:9 p. [Internet]. Available from: <https://openknowledge.fao.org/handle/20.500.14283/cc9105en> (cited 20.02.2026).
14. Hastarina R, Purnomoadi A, Sutopo S, Lestari D A, Mustofa F, Gariri P N, Prahara P G, Kamila F T, Philco S V, Da'i M A M, Setiaji A. Analysis of genetic diversity and phylogenetic relationships among Indonesian native cattle breeds using microsatellite markers: A review. *Veterinary World*. 2025;18(4):1036-1046. doi: 10.14202/vetworld.2025.1036-1046
15. Jiang J, Ma L, Prakapenka D, VanRaden PM, Cole JB, Da Y. A large-scale genome-wide association study in U.S. Holstein cattle. *Frontiers in Genetics*. 2019;10:412. doi: 10.3389/fgene.2019.00412
16. Jiménez-Montenegro L, Alfonso L, Soret B, Mendizabal JA, Urrutia O. Transcriptomic profiling of milk fat globules in cows with different β -casein genotypes. *Scientific Reports*. 2025;15(1):33511. doi: 10.1038/s41598-025-17503-2
17. Kruchinin AG, Illarionova EE, Galstyan AG, Turovskaya SN, Bigaeva AV, Bolshakova EI, Strizhko MN. Effect of CSN3 gene polymorphism on the formation of milk gels induced by physical, chemical, and biotechnological factors. *Foods*. 2023;12(9):1767. doi: 10.3390/foods12091767
18. Lyu W, Dai X, Beaumont M, Yu F, He Z. Inferring the timing and strength of natural selection and gene migration in the evolution of chicken from ancient DNA data. *Molecular Ecology Resources*. 2022;22(4):1362-1379. doi: 10.1111/1755-0998.13553
19. Marino ED, da Fonseca DCM, Vasconcellos AN, de Sousa Oliveira LMF, de Macedo Santos AF, de Carvalho Balieiro JC, Vidal AMC. Effect of A1 and A2 alleles of CSN2 gene on yield, composition traits, and somatic cell count of milk from cows of contrasting genotypes in Brazil. *Genetics and Molecular Research*. 2024;23(4):1-12. doi: 10.4238/gmr2348
20. Peakall R, Smouse PE. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—an update. *Bioinformatics*. 2012;28(19):2537-2539. doi: 10.1093/bioinformatics/bts460
21. Sanjayaraj I, MacGibbon AKH, Holroyd SE, Janssen PWM, Blair HT, Lopez-Villalobos N. Association of single nucleotide polymorphism in the DGAT1 gene with the fatty acid composition of cows milked once and twice a day. *Genes*. 2023;14(3):767. doi: 10.3390/genes14030767
22. Santillo A, Della Malva A, Albenzio M. Preserving biodiversity of sheep and goat farming in the Apulia Region. *Animals*. 2025;15(11):1610. doi: 10.3390/ani15111610
23. Sebastiani C, Arcangeli C, Ciullo M, Torricelli M, Cinti G, Fisichella S, Biagetti M. Frequencies evaluation of β -Casein gene polymorphisms in dairy cows reared in Central Italy. *Animals*. 2020;10(2):252. doi: 10.3390/ani10020252
24. Wang X, Nursyifa C, Aninta SG, Garcia-Erill G, Bertola LD, Khan A, Kuja J, Hanghøj K, Meisner J, Bøggild T, Bradshaw CJA, Al-Chaer A, Persada AP, Priyono DS, Tribudi YA, Sudrajad P, Gaina CD, Jiang Y, Lenstra JA, Cauble-Sims R, Rosen BD, Hagen DE, Heaton MP, Smith TPL, Frantz L, Larson G, Sinding M-HS, Solihin DD, Agil M, Purwantara B, Heller R. The genetic diversity of Indonesian cattle has been shaped by multiple introductions and adaptive introgression. *Nature Communications*. 2025;16(1):8192. doi: 10.1038/s41467-025-62692-z
25. Xia X, Qu K, Wang Y, Sinding M-HS, Wang F, Hanif Q, Ahmed Z, Lenstra JA, Han J, Lei C, Chen N. Global dispersal and adaptive evolution of domestic cattle: a genomic perspective. *Stress Biology*. 2023;3(1):8. doi: 10.1007/s44154-023-00085-2

26. Zheng Z, Wang X, Li M, Li Y, Yang Z, Wang X, Pan X, Gong M, Zhang Y, Guo Y, Wang Y, Liu J, Cai Y, Chen Q, Okpeku M, Colli L, Cai D, Wang K, Huang S, Sonstegard T S, Esmailizadeh A, Zhang W, Zhang T, Xu Y, Xu N, Yang Y, Han J, Chen L, Lesur J, Daly KG, Bradley DG, Heller R, Zhang G, Wang W, Chen Y, Jiang Y. The origin of domestication genes in goats. *Science Advances*. 2020;6(21): eaaz5216. doi: 10.1126/sciadv.aaz5216

27. Zinovieva NA, Dotsev AV, Sermyagin AA, Deniskova TE, Abdelmanova AS, Kharzino-va VR, Sölkner J, Reyer H, Wimmers K, Brem G. Selection signatures in two oldest Russian native cattle breeds revealed using high-density single nucleotide polymorphism analysis. *PLoS ONE*. 2020;15(11):e0242200. doi: 10.1371/journal.pone.0242200

28. ZinBius L, Keuter L, Krischek C, Jessberger N, Cramer B, Plötz M. Influence of the β -Casein genotype of cow's milk (A1, A2) on the quality and β -Casomorphin-7 (BCM-7) content of a semi-hard cheese during production. *Foods*. 2025;14(3):463. doi: 10.3390/foods14030463

Информация об авторах:

Маргарет Сергеевна Форнара, кандидат биологических наук, старший научный сотрудник лаборатории генетического мониторинга ресурсов сельскохозяйственных животных, Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста, 142132, Московская область, городской округ Подольск, п. Дубровицы, д. 60.

Татьяна Евгеньевна Денискова, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник, заведующая лабораторией молекулярной генетики сельскохозяйственных животных, Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста, 142132, Московская область, городской округ Подольск, п. Дубровицы, д. 60.

Александра Сергеевна Абдельманова, доктор биологических наук, старший научный сотрудник лаборатории генетического мониторинга ресурсов сельскохозяйственных животных, Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста, 142132, Московская область, городской округ Подольск, п. Дубровицы, д. 60.

Ольга Андреевна Кошкина, кандидат биологических наук, старший научный сотрудник лаборатории молекулярной генетики сельскохозяйственных животных, Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста, 142132, Московская область, городской округ Подольск, п. Дубровицы, д. 60.

Information about the authors:

Margaret S Fornara, Cand. Sci. (Biology), Senior Researcher, Laboratory of Genetic Monitoring of Livestock Resources, Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member LK Ernst, 60 Dubrovitsy village, Podolsk City district, Moscow region, 142132.

Tatyana E Deniskova, Cand. Sci. (Biology), Leading Researcher, Head of the Laboratory of Molecular Genetics of Farm Animals, Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member LK Ernst, 60 Dubrovitsy village, Podolsk City district, Moscow region, 142132.

Alexandra S Abdelmanova, Dr. Sci. (Biology), Senior Researcher, Laboratory of Genetic Monitoring of Livestock Resources, Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member LK Ernst, 60 Dubrovitsy village, Podolsk City district, Moscow region, 142132.

Olga A Koshkina, Cand. Sci. (Biology), Senior Researcher, Laboratory of Molecular Genetics of Farm Animals, Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member LK Ernst, 60 Dubrovitsy village, Podolsk City district, Moscow region, 142132.

Статья поступила в редакцию 06.03.2026; одобрена после рецензирования 09.04.2026; принята к публикации 15.06.2026.

The article was submitted 06.03.2026; approved after reviewing 09.04.2026; accepted for publication 15.06.2026.