

А.С. Абдельманова ✉

М.С. Форнара

Н.Ф. Бакоев

Н.А. Зиновьева

Федеральный исследовательский центр
животноводства — ВИЖ им. академика
Л.К. Эрнста, пос. Дубровицы, Подольский
р-н, Московская обл., Россия

✉ abdelmanova@vij.ru

Поступила в редакцию: 26.06.2024

Одобрена после рецензирования: 12.11.2024

Принята к публикации: 26.11.2024

© Абдельманова А.С., Форнара М.С.,
Бакоев Н.Ф., Зиновьева Н.А.

Research article

Alexandra S. Abdelmanova ✉

Margaret S. Fornara

Nekruz F. Bakoev

Natalia A. Zinovieva

L.K. Ernst Federal Research Center for Animal
Husbandry, Dubrovitsy village, Podolsky
district, Moscow region, Russia

✉ abdelmanova@vij.ru

Received by the editorial office: 26.06.2024

Accepted in revised: 12.11.2024

Accepted for publication: 26.11.2024

© Abdelmanova A.S., Fornara M.S., Bakoev N.F.,
Zinovieva N.A.

Идентификация полиморфизмов локуса *BoLA-DRB3.2* в образцах черно-пестрого скота разных временных периодов

РЕЗЮМЕ

Вирус лейкоза вызывает персистентный лимфоцитоз у крупного рогатого скота, приводит к значительным экономическим потерям. Существуют генетические механизмы устойчивости к развитию заболевания. Важно проводить мониторинг стад крупного рогатого скота на носительство вируса лейкоза и генотипировать животных для выявления аллелей, связанных с устойчивостью к развитию лейкоза.

Цель работы — оценить изменения частот аллелей локуса *BoLA-DRB3.2* в черно-пестрой породе крупного рогатого скота под влиянием проводимой селекционной работы.

Исследованы образцы биологического материала современных представителей черно-пестрой породы (BLWT_MOD, n = 10), архивные образцы животных, использовавшихся в племенной работе в конце 70-х — начале 80-х годов XX века (BLWT_OLD, n = 10). На основании полных последовательностей 2-го экзона определен аллельный полиморфизм локуса *BoLA-DRB3.2*. Наблюдалось снижение аллельного разнообразия: в современной популяции выявлены 14 уникальных аллелей, в архивной популяции — 17. Под влиянием селекционной работы в современной популяции доля устойчивых аллелей выросла на 33,33%, а доля чувствительных — на 50% по сравнению с архивной. Доля нейтральных аллелей или аллелей с неизвестным статусом в современной популяции несколько снизилась (на 23,08%). Наполнение современной популяции черно-пестрого скота аллелями, связанными с чувствительностью к лейкозу, может быть связано как с привнесением их в генотип в результате голштинизации, так и с проводимой селекционной работой, направленной на повышение молочной продуктивности. Значительные экономические потери в результате низкого продуктивного долголетия чувствительных к лейкозу животных требуют корректировки проводимой селекционной работы с учетом аллельного статуса.

Ключевые слова: скотоводство, локальные породы, лейкоз КРС, *BoLA-DRB3.2*, аллели устойчивости

Для цитирования: Абдельманова А.С., Форнара М.С., Бакоев Н.Ф., Зиновьева Н.А. Идентификация полиморфизмов локуса *BoLA-DRB3.2* в образцах черно-пестрого скота разных временных периодов. *Аграрная наука*. 2024; 389(12): 104–108.

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-389-12-104-108>

Identification of polymorphisms of the *BoLA-DRB3.2* locus in samples of black-and-white cattle from different time periods

ABSTRACT

The leukemia virus causes persistent lymphocytosis in cattle, resulting to significant economic losses. There are genetic mechanisms of resistance to the development of the disease. It is important to monitor cattle herds for carriage of the leukemia virus and genotype animals to identify alleles associated with resistance to leukemia development.

The aim of the work is to assess changes in allele frequencies of the *BoLA-DRB3.2* locus in the black-and-white breed of cattle due to breeding work. Samples of biological material from modern animals of the black-and-white breed (BLWT_MOD, n = 10), as well as archival samples of animals used in breeding work in the late 70s — early 80s of the twentieth century (BLWT_OLD, n = 10) were studied. Based on the complete sequences of the 2nd exon, the allele polymorphism of the *BoLA-DRB3.2* locus was determined. A decrease in allelic diversity was observed: 14 unique alleles were identified in the modern population, and 17 in the archived population. As a result of the breeding work in the modern population, the proportion of resistant alleles in the modern population increased by 33.33%, and the proportion of sensitive alleles by 50% compared to the archived one. The proportion of neutral alleles or alleles with unknown status in the modern population has decreased slightly (by 23.08%). The enrichment of the modern population of black-and-white cattle with alleles associated with sensitivity to leukemia may be associated both with their introduction into the gene pool as a result of crossbreeding with Holstein bulls, and with the breeding work aimed at increasing milk productivity. Significant economic losses as a result of low productive longevity of leukemia-sensitive animals require adjustment of the breeding work taking into account the allelic status.

Key words: cattle breeding, local breeds, bovine leukemia, *BoLA-DRB3.2*, resistance alleles

For citation: Abdelmanova A.S., Fornara M.S., Bakoev N.F., Zinovieva N.A. Identification of polymorphisms of the *BoLA-DRB3.2* locus in samples of black-and-white cattle from different time periods. *Agrarian science*. 2024; 389(12): 104–108 (in Russian).

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-389-12-104-108>

Введение/Introduction

Вирус лейкоза крупного рогатого скота (*Bovine leukemia virus, BLV*) вызывает длительную, медленно развивающуюся субклиническую инфекцию, которая в конечном итоге может прогрессировать до персистентного лимфоцитоза (*Persistent lymphocytosis, PL*).

Механизмы, вызывающие возникновение *PL* при инфекции *BLV*, полностью не выяснены [1], однако исследуются генетические механизмы взаимосвязи уровня провирусной нагрузки с развитием лимфоцитоза. Так, Lo C.W. и соавт. [2] исследовали связь уровня провирусной нагрузки с прогрессированием заболевания и показали, что некоторые аллели главного комплекса гистосовместимости связаны с повышением уровня провирусной нагрузки и развитием лимфомы, в то время как другие аллели были связаны с резистентностью к заболеванию.

Главный комплекс гистосовместимости расположен на коротком плече 23-й хромосомы, представляет собой семейство генов с разным уровнем экспрессии, играет решающую роль в иммунной реакции [3, 4]. Наиболее полиморфным и активно экспрессирующимся является ген бычьего лейкоцитарного антигена *BoLA-DRB3*, связанный с иммунным ответом на инфекционные и паразитарные заболевания [5, 6].

Лейкоз крупного рогатого скота вызывает значительные экономические потери, обусловленные несколькими аспектами. Прежде всего это сложности, связанные с реализацией молочной продукции и организацией процесса доения больных и здоровых животных. Поскольку в соответствии с Техническим регламентом Таможенного союза «О безопасности молока и молочной продукции» (ТР ТС 033/2013)¹ для производства продуктов переработки молока не допускается использование сырого молока от больных животных, производители вынуждены утилизировать такое молоко.

Дополнительные затраты связаны с содержанием животных в карантине при перемещении из неблагополучных хозяйств, организацией серологических исследований и ветеринарно-санитарной экспертизы в соответствии с требованиями Приказа Министерства сельского хозяйства РФ от 24 марта 2021 года № 156². Кроме того, в хозяйствах могут возникать проблемы с воспроизводством стада из-за передачи инфекции от коровы теленку либо искусственного заражения в ходе ветеринарных или зоотехнических мероприятий [7].

Распространенность заболевания внутри стад в Соединённых Штатах выросла в 4 раза за последние 60 лет [8], что является тревожным сигналом, поскольку с конца 70-х годов XX века проводилось массовое улучшение российских локальных пород голштинскими быками, завозимыми в том числе из США [9].

Мониторинг стад крупного рогатого скота на носительство вируса лейкоза и своевременную выбраковку или изоляцию больных животных является важной задачей, однако не менее актуально проводить генотипирование животных для выявления аллелей, связанных с устойчивостью к развитию лейкоза, с целью корректировки селекционной работы в сторону насыщения генофонда стада желательными генотипами.

Цель работы — оценка изменений частот встречаемости аллелей локуса *BoLA-DRB3.2* в черно-пестрой породе крупного рогатого скота под влиянием проводимой селекционной работы.

Материалы и методы исследования / Materials and methods

Материалом для исследований служили образцы биологического материала (выщип из уха, кровь, сперма) быков-производителей современной популяции черно-пестрой породы (BLWT_MOD, n = 10), отобранные в 2017 г., архивные образцы (сперма) быков-производителей, использовавшихся в племенной работе в конце 70-х — начале 80-х годов XX века (BLWT_OLD, n = 10).

Все исследуемые образцы депонированы в генетическом банке ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр животноводства — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста».

Исследование образцов проводили на базе ЦКП «Биоресурсы и биоинженерия сельскохозяйственных животных» ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр животноводства — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста».

На секвенаторе NovaSeq 6000 (2 x 150 bp) (Illumina Inc., США) проведено полногеномное секвенирование образцов. Биоинформационная обработка данных проводилась в среде R 3.5.0 (<http://www.Rproject.org>)³ с использованием дополнительных пакетов. Выравнивание сиквенсов выполняли с помощью инструментов bwa-mem2 [10] и SAMtools [11] на референсный геном крупного рогатого скота по сборке ARS-UCD1.2. Из полногеномных данных извлечены последовательности локуса *BoLA-DRB3.2* и выравнены в программе Mega 11 [12].

С использованием электронного ресурса BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*), предназначенного для поиска выравниваний и сопоставления последовательностей, проведено определение аллелей локуса *BoLA-DRB3.2* в соответствии с референсными последовательностями, загруженными из базы данных иммунного полиморфизма главного комплекса гистосовместимости (IPD)-MHC [<https://www.ebi.ac.uk/ipd/mhc/>]. Статус аллеля по отношению к развитию лейкоза (устойчивый, чувствительный, нейтральный) определялся в соответствии с Xu A. и соавт. [13].

Результаты и обсуждение / Results and discussion

В ходе анализа 10 архивных и 10 современных образцов черно-пестрого скота был определен аллельный полиморфизм в соответствии с номенклатурой (IPD)-MHC (табл. 1).

Примечание: цветом выделены аллели с разным статусом по отношению к лейкозу: красный — чувствительные аллели, зеленый — устойчивые аллели, голубой — нейтральные аллели или аллели с неизвестным статусом.

В современной популяции черно-пестрой породы наблюдается снижение аллельного разнообразия в локусе *BoLA-DRB3.2*: в архивной популяции выявлены 17 уникальных аллелей, в том числе 3 устойчивых, 2 чувствительных и 12 нейтральных или аллелей с неизвестным статусом, в то время как в современной — только 14

¹ Технический регламент Таможенного союза «О безопасности молока и молочной продукции» (ТР ТС 033/2013). 103 с.

² Приказ Министерства сельского хозяйства РФ от 24 марта 2021 года № 156 «Об утверждении Ветеринарных правил осуществления профилактических, диагностических, ограничительных и иных мероприятий, установления и отмены карантина и иных ограничений, направленных на предотвращение распространения и ликвидацию очагов лейкоза крупного рогатого скота». 20 с.

³ R Core Team. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. 2021. — URL: <https://www.R-project.org/>

Таблица 1. Идентификация аллелей локуса BoLA-DRB3.2 в образцах черно-пестрой породы разных временных периодов

Table 1. Identification of alleles of the BoLA-DRB3.2 locus in black-and-white samples of different time periods

Номер образца	Номенклатура по (IPD)-МНС		Длина аллеля, бп	Номенклатура по van Eijk et al.
	Идентификационный номер	Название аллеля		
BLWT_MOD_1	BOLA03120	BoLA-DRB3*014:01:01	270	–
	BOLA10181	BoLA-DRB3*024:33	267	–
BLWT_MOD_2	BOLA03122	BoLA-DRB3*015:01	270	16
	BOLA03102	BoLA-DRB3*002:01	267	7
BLWT_MOD_3	BOLA03117	BoLA-DRB3*012:01	270	8
	BOLA03114	BoLA-DRB3*010:01	270	–
BLWT_MOD_4	BOLA03112	BoLA-DRB3*009:01	270	11
	BOLA03117	BoLA-DRB3*012:01	270	8
BLWT_MOD_5	BOLA03100	BoLA-DRB3*001:01	554	24
	BOLA03100	BoLA-DRB3*001:01	554	24
BLWT_MOD_6	BOLA03120	BoLA-DRB3*014:01:01	270	–
	BOLA03100	BoLA-DRB3*001:01	554	24
BLWT_MOD_7	BOLA03120	BoLA-DRB3*014:01:01	270	–
	BOLA07782	BoLA-DRB3*068:01	269	–
BLWT_MOD_8	BOLA09800	BoLA-DRB3*007:05	270	–
	BOLA10000	BoLA-DRB3*024:24	269	–
BLWT_MOD_9	BOLA03100	BoLA-DRB3*001:01	554	24
	BOLA10023	BoLA-DRB3*112:03	269	–
BLWT_MOD_10	BOLA03113	BoLA-DRB3*009:02	270	11
	BOLA03105	BoLA-DRB3*004:01	270	–
BLWT_OLD_1	BOLA03149	BoLA-DRB3*028:01	325	–
	BOLA10046	BoLA-DRB3*149:01	269	–
BLWT_OLD_2	BOLA03293	BoLA-DRB3*041:01	264	–
	BOLA03102	BoLA-DRB3*002:01	267	7
BLWT_OLD_3	BOLA03120	BoLA-DRB3*014:01:01	270	–
	BOLA03116	BoLA-DRB3*011:01	270	22
BLWT_OLD_4	BOLA03122	BoLA-DRB3*015:01	270	16
	BOLA03122	BoLA-DRB3*015:01	270	16
BLWT_OLD_5	BOLA09933	BoLA-DRB3*009:04	269	–
	BOLA10181	BoLA-DRB3*024:33	267	–
BLWT_OLD_6	BOLA10174	BoLA-DRB3*018:05	270	–
	BOLA09916	BoLA-DRB3*105:01	269	–
BLWT_OLD_7	BOLA03113	BoLA-DRB3*009:02	270	11
	BOLA03114	BoLA-DRB3*010:01	270	–
BLWT_OLD_8	BOLA03116	BoLA-DRB3*011:01	270	22
	BOLA09964	BoLA-DRB3*105:02	269	–
BLWT_OLD_9	BOLA09933	BoLA-DRB3*009:04	269	–
	BOLA09946	BoLA-DRB3*024:21	269	–
BLWT_OLD_10	BOLA03113	BoLA-DRB3*009:02	270	11
	BOLA09889	BoLA-DRB3*024:11	269	–

Таблица 2. Частоты встречаемости генотипов и аллелей BoLA-DRB3.2 в современных и архивных популяциях черно-пестрого скота

Table 2. Frequencies of BoLA-DRB3.2 genotypes and alleles in modern and archival populations of black-and-white cattle

Частота генотипов, %	Генотип	BLWT_OLD	BLWT_MOD
	R/N	30	20
	R/S	0	20
	N/N	40	30
	N/S	20	20
Частота аллелей, %	S/S	10	10
	Аллель	BLWT_OLD	BLWT_MOD
	R	0,15	0,2
	N	0,65	0,5
	S	0,2	0,3

Примечание: R — аллели, устойчивые к лейкозу; S — чувствительные; N — нейтральные.

уникальных аллелей, среди которых 3 устойчивых, 3 чувствительных и 8 нейтральных (табл. 1).

Были оценены частоты встречаемости генотипов и аллелей в архивной и современной популяциях черно-пестрого скота (табл. 2).

Как видно из таблицы 2, гомозигот по устойчивым к лейкозу аллелям не было выявлено ни в одной исследуемой группе, в то время как гомозиготы по чувствительным аллелям встречались в обеих популяциях с одинаковой частотой.

Интересно отметить, что в популяции архивных животных, использовавшихся в племенной работе в конце 70-х — начале 80-х годов XX века, то есть до или в самом начале кампании по улучшению отечественных пород голштинским скотом, преобладают гомозиготы по нейтральным аллелям (N/N), в 20% случаев встречаются гетерозиготы по устойчивым (нейтральным) (R/N) аллелям, а гетерозигот по устойчивым (чувствительным) аллелям (R/S) не выявлено.

В современной популяции черно-пестрого скота доля R/N генотипов уменьшилась с 30 до 20%, но появились новые комбинации аллелей: доля R/S генотипов выросла с 0 до 20%.

Доля чувствительных к лейкозу гомозиготных генотипов и генотипов R/N не различалась для архивной и современной пород.

Оценка частот встречаемости аллелей локуса BoLA-DRB3.2 показала, что под влиянием проводимой селекционной работы в современной в черно-пестрой породе доля устойчивых аллелей выросла на 33,33%, а доля чувствительных аллелей увеличилась на 50% по сравнению с архивной популяцией. Доля нейтральных аллелей или аллелей с неизвестным статусом в современной популяции несколько снизилась (на 23,08%) по сравнению с предковой группой.

Проведенные ранее исследования показали неоднозначную связь между носительством аллелей устойчивости, провирусной

нагрузкой и признаками продуктивности. Рядом авторов было выявлено повышение молочной продуктивности при инфицировании провирусом лейкоза и (или) присутствием в генотипе чувствительных аллелей [14–16].

Другими исследователями отмечено: хотя инфекция влияла на повышение удоя, но на основании полиморфизма *BoLA-DRB3* не наблюдалось существенных различий в продуктивности молочного скота среди восприимчивых, нейтральных и устойчивых к лейкозу животных [17].

Кроме того, некоторые исследования показали, что инфицированные животные в среднем производят меньше молока, чем здоровые, и менее выгодны в содержании за счет ранней выбраковки [18, 19].

Все авторы несут ответственность за работу и представленные данные. Все авторы внесли равный вклад в работу. Авторы в равной степени принимали участие в написании рукописи и несут равную ответственность за плагиат. Авторы объявили об отсутствии конфликта интересов.

ФИНАНСИРОВАНИЕ

Работа выполнена при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования РФ (тема № FGGN-2024-0015).

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

- Marin-Flamand E. *et al.* Relationship of persistent lymphocytosis, antibody titers, and proviral load with expression of interleukin-12, interferon- γ , interleukin-2, interleukin-4, interleukin-10, and transforming growth factor- β in cows infected with bovine leukemia virus from a high-prevalence dairy complex. *Canadian Journal of Veterinary Research*. 2022; 86(4): 269–285.
- Lo C.-W. *et al.* *BoLA-DRB3* Polymorphism is Associated with Differential Susceptibility to Bovine Leukemia Virus-Induced Lymphoma and Proviral Load. *Viruses*. 2020; 12(3): 352. <https://doi.org/10.3390/v12030352>
- Maccari G. *et al.* IPD-MHC 2.0: an improved inter-species database for the study of the major histocompatibility complex. *Nucleic Acids Research*. 2017; 45(D1): D860–D864. <https://doi.org/10.1093/nar/gkw1050>
- Takehisa S.-N., Aida Y. Structure, function and disease susceptibility of the bovine major histocompatibility complex. *Animal Science Journal*. 2006; 77(2): 138–150. <https://doi.org/10.1111/j.1740-0929.2006.00332.x>
- Ilie D.E. *et al.* Kompetitive Allele Specific PCR Genotyping of 89 SNPs in Romanian Spotted and Romanian Brown Cattle Breeds and Their Association with Clinical Mastitis. *Animals*. 2023; 13(9): 1484. <https://doi.org/10.3390/ani13091484>
- Itenge T.O., Haikukutu L., Lyaku J.R. The Bovine Major Histocompatibility Complex and Its Role in Tick and Tick-borne Disease Resistance and Immune Responsiveness in *Bos Indicus* and their Crosses with *Bos Taurus* in Sub-Saharan Africa: A Review. *Welwitschia International Journal of Agricultural Sciences*. 2020; 2: 67–80. <https://doi.org/10.32642/wijas.v2i.1408>
- Макаров В.В. Лейкоз крупного рогатого скота. *Российский ветеринарный журнал*. 2020; (2): 18–25. <https://doi.org/10.32416/2500-4379-2020-2-18-26>
- Lohr C.E. *et al.* Phenotypic Selection of Dairy Cattle Infected with Bovine Leukemia Virus Demonstrates Immunogenetic Resilience through NGS-Based Genotyping of *BoLA MHC* Class II Genes. *Pathogens*. 2022; 11(1): 104. <https://doi.org/10.3390/pathogens11010104>
- Сермягин А.А., Нарышкина Е.Н., Недашковский И.С., Ермилов А.Н., Богданова Т.В. Оценка эффекта голштинизации в популяции черно-пестрого скота Подмосковья. *АгроЗooТехника*. 2018; 1(3): 1. <https://doi.org/10.15838/alt.2018.1.3.1>
- Vasimuddin M., Misra S., Li H., Aluru S. Efficient Architecture-Aware Acceleration of BWA-MEM for Multicore Systems. *2019 IEEE Parallel and Distributed Processing Symposium (IPDPS)*. IEEE. 2019; 314–324. <https://doi.org/10.1109/IPDPS.2019.00041>
- Danecek P. *et al.* Twelve years of SAMtools and BCFtools. *GigaScience*. 2021; 10(2): giab008. <https://doi.org/10.1093/gigascience/giab008>
- Tamura K., Stecher G., Kumar S. MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11. *Molecular Biology and Evolution*. 2021; 38(7): 3022–3027. <https://doi.org/10.1093/molbev/msab120>
- Xu A., van Eijk M.J., Park C., Lewin H.A. Polymorphism in *BoLA-DRB3* exon 2 correlates with resistance to persistent lymphocytosis caused by bovine leukemia virus. *Journal of Immunology*. 1993; 151(12): 6977–6985. <https://doi.org/10.4049/jimmunol.151.12.6977>
- Гладырь Е.А., Зиновьева Н.А., Быкова А.С., Виноградова И.В., Эрнст Л.К. Молочная продуктивность коров в зависимости от инфицированности вирусом лейкоза и генотипа по *BoLA-DRB3*. *Достижения науки и техники АПК*. 2012; (8): 46–49. <https://elibrary.ru/pcybit>

Выводы/Conclusions

За последние 40–50 лет в группе быков-производителей черно-пестрого скота выросла доля генотипов, несущих аллели, связанные с повышенной чувствительностью к лейкозу.

Насыщение современной популяции черно-пестрого скота нежелательными аллелями может быть связано как с привнесением их в генофонд в результате голштинизации, так и с проводимой селекционной работой, направленной на повышение молочной продуктивности.

Таким образом, одним из элементов стратегии повышения продуктивного долголетия животных может быть корректировка проводимой селекционной работы в части отбора для воспроизводства стада особей с учетом аллельного статуса по гену *BoLA-DRB3*.

All authors bear responsibility for the work and presented data. All authors made an equal contribution to the work. The authors were equally involved in writing the manuscript and bear the equal responsibility for plagiarism. The authors declare no conflict of interest.

FUNDING

The work was carried out with the financial support of the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation (topic No. FGGN-2024-0015).

REFERENCES

- Marin-Flamand E. *et al.* Relationship of persistent lymphocytosis, antibody titers, and proviral load with expression of interleukin-12, interferon- γ , interleukin-2, interleukin-4, interleukin-10, and transforming growth factor- β in cows infected with bovine leukemia virus from a high-prevalence dairy complex. *Canadian Journal of Veterinary Research*. 2022; 86(4): 269–285.
- Lo C.-W. *et al.* *BoLA-DRB3* Polymorphism is Associated with Differential Susceptibility to Bovine Leukemia Virus-Induced Lymphoma and Proviral Load. *Viruses*. 2020; 12(3): 352. <https://doi.org/10.3390/v12030352>
- Maccari G. *et al.* IPD-MHC 2.0: an improved inter-species database for the study of the major histocompatibility complex. *Nucleic Acids Research*. 2017; 45(D1): D860–D864. <https://doi.org/10.1093/nar/gkw1050>
- Takehisa S.-N., Aida Y. Structure, function and disease susceptibility of the bovine major histocompatibility complex. *Animal Science Journal*. 2006; 77(2): 138–150. <https://doi.org/10.1111/j.1740-0929.2006.00332.x>
- Ilie D.E. *et al.* Kompetitive Allele Specific PCR Genotyping of 89 SNPs in Romanian Spotted and Romanian Brown Cattle Breeds and Their Association with Clinical Mastitis. *Animals*. 2023; 13(9): 1484. <https://doi.org/10.3390/ani13091484>
- Itenge T.O., Haikukutu L., Lyaku J.R. The Bovine Major Histocompatibility Complex and Its Role in Tick and Tick-borne Disease Resistance and Immune Responsiveness in *Bos Indicus* and their Crosses with *Bos Taurus* in Sub-Saharan Africa: A Review. *Welwitschia International Journal of Agricultural Sciences*. 2020; 2: 67–80. <https://doi.org/10.32642/wijas.v2i.1408>
- Makarov V.V. Enzootic bovine leucosis. *Russian veterinary journal*. 2020; (2): 18–25 (in Russian). <https://doi.org/10.32416/2500-4379-2020-2-18-26>
- Lohr C.E. *et al.* Phenotypic Selection of Dairy Cattle Infected with Bovine Leukemia Virus Demonstrates Immunogenetic Resilience through NGS-Based Genotyping of *BoLA MHC* Class II Genes. *Pathogens*. 2022; 11(1): 104. <https://doi.org/10.3390/pathogens11010104>
- Sermyagin A.A., Naryshkina E.N., Nedashkovsky I.S., Yermilov A.N., Bogdanova T.V. Evaluation of Holsteinization effect in the population of White-and-Black cattle in the Moscow oblast. *Agricultural and Livestock Technology*. 2018; 1(3): 1 (in Russian). <https://doi.org/10.15838/alt.2018.1.3.1>
- Vasimuddin M., Misra S., Li H., Aluru S. Efficient Architecture-Aware Acceleration of BWA-MEM for Multicore Systems. *2019 IEEE Parallel and Distributed Processing Symposium (IPDPS)*. IEEE. 2019; 314–324. <https://doi.org/10.1109/IPDPS.2019.00041>
- Danecek P. *et al.* Twelve years of SAMtools and BCFtools. *GigaScience*. 2021; 10(2): giab008. <https://doi.org/10.1093/gigascience/giab008>
- Tamura K., Stecher G., Kumar S. MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11. *Molecular Biology and Evolution*. 2021; 38(7): 3022–3027. <https://doi.org/10.1093/molbev/msab120>
- Xu A., van Eijk M.J., Park C., Lewin H.A. Polymorphism in *BoLA-DRB3* exon 2 correlates with resistance to persistent lymphocytosis caused by bovine leukemia virus. *Journal of Immunology*. 1993; 151(12): 6977–6985. <https://doi.org/10.4049/jimmunol.151.12.6977>
- Gladyr E.A., Zinovieva N.A., Bykova A.S., Vinogradova I.V., Ernst L.K. Milk productivity of cows in dependence of the infection by BVL and genotype on *BoLA-DRB3*. *Achievements of science and technology in agribusiness*. 2012; (8): 46–49 (in Russian). <https://elibrary.ru/pcybit>

15. Сермягин А.А. и др. Связь генотипов BoLA-DRB3 с племенной ценностью по показателям молочной продуктивности в российской популяции молочного скота. *Сельскохозяйственная биология*. 2016; 51(6): 775–781. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2016.6.775rus>
16. Yang Y. et al. Dairy Cows Experimentally Infected With Bovine Leukemia Virus Showed an Increased Milk Production in Lactation Numbers 3–4: A 4-Year Longitudinal Study. *Frontiers in Microbiology*. 2022; 13: 946463. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.946463>
17. Nakatsuchi A., Matsumoto Y., Aida Y. Influence of BoLA-DRB3 Polymorphism and Bovine Leukemia Virus (BLV) Infection on Dairy Cattle Productivity. *Veterinary Sciences*. 2023; 10(4): 250. <https://doi.org/10.3390/vetsci10040250>
18. Norby B., Bartlett P.C., Byrem T.M., Erskine R.J. Effect of infection with bovine leukemia virus on milk production in Michigan dairy cows. *Journal of Dairy Science*. 2016; 99(3): 2043–2052. <https://doi.org/10.3168/jds.2015-10089>
19. Nekouei O., VanLeeuwen J., Stryhn H., Kelton D., Keefe G. Lifetime effects of infection with bovine leukemia virus on longevity and milk production of dairy cows. *Preventive Veterinary Medicine*. 2016; 133: 1–9. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2016.09.011>

ОБ АВТОРАХ

Александра Сергеевна Абдельманова

доктор биологических наук, старший научный сотрудник
 abdelmanova@vij.ru
<https://orcid.org/0000-0003-4752-0727>

Маргарет Сергеевна Форнара

кандидат биологических наук, старший научный сотрудник
 margaretfornara@gmail.com
<https://orcid.org/0000-0002-8844-177X>

Некруз Фарходович Бакоев

кандидат сельскохозяйственных наук, научный сотрудник
 nekruz82@bk.ru
<https://orcid.org/0000-0002-0324-3580>

Наталья Анатольевна Зиновьева

доктор биологических наук, профессор, академик РАН,
 директор
 n_zinovieva@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0003-4017-6863>

Федеральный исследовательский центр животноводства —
 ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста,
 пос. Дубровицы, 60, Подольский р-н, Московская обл., 142132,
 Россия

15. Sermyagin A.A. et al. Associations of BoLA-DRB3 genotypes with breeding values for milk production traits in Russian dairy cattle population. *Agricultural Biology*. 2016; 51(6): 775–781. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2016.6.775eng>

16. Yang Y. et al. Dairy Cows Experimentally Infected With Bovine Leukemia Virus Showed an Increased Milk Production in Lactation Numbers 3–4: A 4-Year Longitudinal Study. *Frontiers in Microbiology*. 2022; 13: 946463. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.946463>

17. Nakatsuchi A., Matsumoto Y., Aida Y. Influence of BoLA-DRB3 Polymorphism and Bovine Leukemia Virus (BLV) Infection on Dairy Cattle Productivity. *Veterinary Sciences*. 2023; 10(4): 250. <https://doi.org/10.3390/vetsci10040250>

18. Norby B., Bartlett P.C., Byrem T.M., Erskine R.J. Effect of infection with bovine leukemia virus on milk production in Michigan dairy cows. *Journal of Dairy Science*. 2016; 99(3): 2043–2052. <https://doi.org/10.3168/jds.2015-10089>

19. Nekouei O., VanLeeuwen J., Stryhn H., Kelton D., Keefe G. Lifetime effects of infection with bovine leukemia virus on longevity and milk production of dairy cows. *Preventive Veterinary Medicine*. 2016; 133: 1–9. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2016.09.011>

ABOUT THE AUTHORS

Alexandra Sergeevna Abdelmanova

Doctor of Biological Sciences, Senior Researcher
 abdelmanova@vij.ru
<https://orcid.org/0000-0003-4752-0727>

Margaret Sergeevna Fornara

Candidate of Biological Sciences, Senior Researcher
 margaretfornara@gmail.com
<https://orcid.org/0000-0002-8844-177X>

Nekruz Farkhodovich Bakoev

Candidate of Agricultural Sciences, Researcher
 nekruz82@bk.ru
<https://orcid.org/0000-0002-0324-3580>

Natalia Anatolyevna Zinovieva

Doctor of Biological Sciences, Professor, Academician of the Russian
 Academy of Sciences, Director
 n_zinovieva@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0003-4017-6863>

L.K. Ernst Federal Research Center for Animal
 Husbandry,
 60 Dubrovitsy, Podolsk district, Moscow region, 142132,
 Russia



МАК 2025

Межрегиональная Агропромышленная Конференция



5–6 ФЕВРАЛЯ 2025 | СТАТЬ ПАРТНЁРОМ

РАЗДЕЛЫ МАК: ЗОНА ПАРТНЕРОВ

РАСТЕНИЕВОДСТВО

- ◆ Селекция и семеноводство
- ◆ Удобрения
- ◆ Гербициды
- ◆ Средства защиты растений

ЖИВОТНОВОДСТВО

- ◆ Корма и кормовые добавки
- ◆ Селекция, генетика, репродукция
- ◆ Оборудование для содержания и ухода

УСЛУГИ ДЛЯ АПК

- ◆ Технологии
- ◆ Финансирование и страхование бизнеса
- ◆ Цифровизация и оптимизация процессов
- ◆ Логистика

Официальная поддержка:



Министерство
сельского хозяйства
Челябинской области

Организатор:



ПЕРВОЕ
ВЫСТАВОЧНОЕ
ОБЪЕДИНЕНИЕ

www.makural.ru

г. Челябинск, Гранд Отель Видгоф
 +7 (351) 755-55-10

12+

РЕКЛАМА