

А.С. Абдельманова¹ ✉К.Д. Чаицкая²М.С. Форнара¹П.О. Щеголев²А.А. Чаицкий²О.И. Бороонецкая³А.А. Королев²Н.А. Зиновьева¹

¹Федеральный исследовательский центр животноводства — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста, пос. Дубровицы, Московская обл., Россия

²Костромская государственная сельскохозяйственная академия, пос. Караваяво, Костромская обл., Россия

³Российский государственный аграрный университет — МСХА им. К.А. Тимирязева, Москва, Россия

✉ abdelmanova@vij.ru

Поступила в редакцию: 19.06.2025

Одобрена после рецензирования: 11.11.2025

Принята к публикации: 26.11.2025

© Абдельманова А.С., Чаицкая К.Д., Форнара М.С., Щеголев П.О., Чаицкий А.А., Бороонецкая О.И., Королев А.А., Зиновьева Н.А.

Research article

 creative commons
Open access

DOI: 10.32634/0869-8155-2025-401-12-106-115

Alexandra S. Abdelmanova¹ ✉Ksenia D. Chaickaya²Margaret S. Fornara¹Pavel O. Shchegolev²Alexey A. Chaitsky²Oksana I. Boronetskaya³Anton A. Korolev²Natalia A. Zinovieva¹

¹Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member L.K. Ernst, Dubrovitsy, Moscow region, Russia

²Kostroma State Agricultural Academy, Karavaevo, Kostroma region, Russia

³Russian State Agrarian University — Timiryazev Moscow Agricultural Academy, Moscow, Russia

✉ abdelmanova@vij.ru

Received by the editorial office: 19.06.2025

Accepted in revised: 11.11.2025

Accepted for publication: 26.11.2025

© Abdelmanova A.S., Chaickaya K.D., Fornara M.S., Shchegolev P.O., Chaitsky A.A., Boronetskaya O.I., Korolev A.A., Zinovieva N.A.

Исследование сохранности генетических компонентов родоначальника костромской породы в современных популяциях на основании анализа микросателлитных маркеров

РЕЗЮМЕ

Наибольшую экономическую эффективность показывают специализированные породы скота. При этом высок риск потери уникального генофонда отечественных пород. Костромская порода крупного рогатого скота является достижением отечественных селекционеров и обладает рядом ценных качеств. Одним из выдающихся родоначальников породы был бык Салат 1216 — чемпион породы в 1954 году. Заводская линия быка до сих пор обладает большим генетическим потенциалом.

Цели работы — сравнительное исследование музейных и современных образцов крупного рогатого скота костромской породы, анализ сохранности и распространенности генетических компонентов быка Салата 1216 в современной популяции породы.

Материалом для получения ДНК из музейных образцов служили фрагменты зуба быка Салата 1216. В качестве групп сравнения использованы исторические образцы генетического материала, выделенные из костей черепа костромской (KSTRM_H, n = 3) и бурой швицкой (BRWS_H, n = 5) пород, датируемые первой половиной XX века, а также современные образцы биологического материала (геномная ДНК, полученная из периферической крови) костромской (KSTRM, n = 60) и бурой швицкой пород двух популяций: разводимой в России (BRWS, n = 23) и в Германии (BRWS_G, n = 57).

В результате исследований были генотипированы 9 микросателлитных маркеров. Анализ данных проводили с использованием программы GenAlEx и программной среды R. Аллельный профиль Салата 1216 совпадал с профилем KSTRM_H в 6 из 9 локусов, в 4 из 9 локусов — с профилем KSTRM. В современной костромской породе преобладают (в среднем 64,82%) генетические компоненты, характерные для Салата 1216. Исследования показали обособленность генетического профиля родоначальника костромской породы быка Салата 1216 от улучшающей бурой швицкой породы и подтвердили сохранение его генетических компонентов в современных популяциях костромской породы.

Ключевые слова: скотоводство, локальные породы, генетическое разнообразие, сохранение генетических ресурсов, костромская порода, музейные образцы

Для цитирования: Абдельманова А.С. и др. Исследование сохранности генетических компонентов родоначальника костромской породы в современных популяциях на основании анализа микросателлитных маркеров. *Аграрная наука*. 2025; 401 (12): 106–115. <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-401-12-106-115>

Study of the preservation of genetic components of the ancestor of the Kostroma breed in modern populations based on the analysis of microsatellite markers

ABSTRACT

In modern realities, specialized breeds of livestock demonstrate the highest economic efficiency. However, there is a significant risk of losing the unique gene pool of domestic breeds. The Kostroma breed of cattle is an outstanding achievement of breeders and possesses a number of valuable qualities. One of the remarkable founders of the breed was the bull Salat 1216, the breed champion in 1954. The breeding line of Salat 1216 still has great genetic potential.

The objectives of the work are a comparative study of museum and modern samples of Kostroma cattle, an analysis of the preservation and prevalence of the genetic components of the Lettuce 1216 bull in the modern population of the breed.

The material consisted of fragments of the tooth of bull Salat 1216. Historical samples of the Kostroma (KSTRM_H, n = 3) and Brown Swiss (BRWS_H, n = 5) breeds, dated to the first half of the 20th century, were used as comparison groups, along with modern samples of the Kostroma breed (KSTRM, n = 60) and samples of the Brown Swiss breed from two populations: those bred in Russia (BRWS, n = 23) and those bred in Germany (BRWS_G, n = 57). Nine microsatellite markers were genotyped. Data analysis was conducted using the GenAlEx program and the R programming environment. The allele profile of Salat 1216 matched the profile of KSTRM_H at 6 out of 9 loci, and at 4 out of 9 loci with the profile of KSTRM. In the modern Kostroma breed, genetic components characteristic of bull Salat 1216 predominated (on average, 64.82%). The studies showed the distinctiveness of the genetic profile of the founder of the Kostroma breed, bull Salat 1216, from the improving Brown Swiss breed and confirmed the preservation of the genetic components in modern populations of the Kostroma breed.

Key words: cattle breeding, local breeds, genetic diversity, conservation of genetic resources, Kostroma breed, museum samples

For citation: Abdelmanova A.S. et al. Study of the preservation of genetic components of the ancestor of the Kostroma breed in modern populations based on the analysis of microsatellite markers. *Agrarian science*. 2025; 401 (12): 106–115 (in Russian).

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-401-12-106-115>

Введение/Introduction

В настоящее время отечественное молочное скотоводство претерпевает путь существенной трансформации в стремлении достигнуть целевых показателей Федеральной научно-технической программы развития сельского хозяйства на 2017–2030 годы¹, которая предусматривает увеличение молочной продуктивности коров на 25% к 2030 году.

Как свидетельствуют статистические исследования В.И. Чинарова (2020 г.), наибольшую экономическую эффективность в сложившихся экономических реалиях показывают породы скота, специализированные на производство большого объема молока, в первую очередь голштинская, и глубоко улучшенные ею отечественные породы, такие как черно-пестрая и холмогорская [1].

В этих условиях существует большой риск потери уникального генофонда отечественных пород скота, являющихся национальным достоянием, созданным нашими предшественниками в ходе тяжелого и упорного труда. Кроме того, как указывают И.В. Лазебная и соавт. (2022 г.), охранение генофонда отечественных пород крайне важно для поддержания биоразнообразия, что может оказаться критически важным в непредсказуемо меняющихся климатических условиях, сопровождающихся изменением эпизоотологической ситуации [2]. В связи с этим целесообразно провести ревизию сохранившегося отечественного генофонда и найти способы его сохранения и совершенствования, в том числе при помощи современных генетических технологий.

Костромская порода крупного рогатого скота по праву считается выдающимся достижением отечественных селекционеров и обладает рядом ценных качеств. По мнению академика ВАСХНИЛ Е.Ф. Лискуна, костромская порода по уровню продуктивности, качеству молока, энергии роста, воспроизводительной способности, устойчивости к заболеваниям, крепости конституции, а также по устойчивости передачи признаков потомству превосходит все импортные молочные породы, участвовавшие в ее образовании, в том числе, швицкую и альгаузскую [3].

Процесс формирования породы проходил при использовании ряда выдающихся быков-производителей, среди которых решающее влияние оказали быки швицкой породы Артист ИШ-55, Баро ЯШ-259, Эмо ЯШ-260, Шанго ИШ-57. Дальнейшее совершенствование породы базировалось на чистопородном разведении по линиям с применением внутрилинейного подбора и кросса линий [4].

По данным породного переучета, на 1 января 1974 года в СССР насчитывались 865 572 головы чистопородного костромского скота. В основном скот костромской породы был распространен в

Костромской, Ивановской и Владимирской областях РСФСР, Марийской АССР, а также Могилевской и Витебской областях БССР. В Костромской области в то время насчитывались 97 111 голов скота костромской породы [5]. К настоящему времени численность животных костромской породы радикально сократилась: на 1 января 2024 года в Костромской области в племенных хозяйствах зарегистрирована 3981 голова чистопородного скота [6].

Современный костромской скот имеет бурую масть различных оттенков — от светло-серой до темно-бурой. Тело длинное, грудь широкая и глубокая, таз широкий. Конечности крепкие, недлинные, ровно поставленные. Костяк крепкий, изредка переходящий в грубый. Выраженность мясных форм и обмускуленность хорошие [5]. Костромская порода относится к комбинированному (молочно-мясному) направлению продуктивности, что позволяет получать от животных как большой объем высококачественного молока, так и успешно выращивать их для убоя на мясо, получая убойный выход около 60% [6].

По данным ежегодника ВНИИплем по племенной работе за 2021 г., костромская порода крупного рогатого скота входила в тройку лучших пород в России по содержанию жира в молоке и в пятерку лучших — по содержанию белка в молоке и продолжительности использования коров [4].

На 1 января 2024 года удой на корову костромской породы в племенных хозяйствах Костромской области составил 7769 кг молока, содержание жира в молоке — 4,11%, содержание белка — 3,38%, живая масса коров — 549 кг [7]. При этом от коровы Любляны 9519 в АО «Племзавод «Караваево»» по 6-й лактации получен удой 15 277 кг молока при содержании жира и белка в молоке 4,45% и 3,43% соответственно [6]. Генофонд костромской породы отличается высокой концентрацией желательных вариантов генов бета- и каппа-казеина, что позволяет быстро формировать стада, производящие сыропригодное молоко и диетическое «молоко А2» [8–10].

Лучшие мужские потомки быков — основателей породы по показателям молочной продуктивности дочерей стали родоначальниками современных линий породы: Силача КТКС-83, Салата 1216 (КТКС-84), Каро КТКС-101, Ладка КТКС-253, Бархата ВДКС-6, Ограда ВДКС-24, Курса ИКС-161 [4].

Бык Салат 1216 отличался развитыми формами экстерьера (рис. 1) и достигал живой массы 852 кг. В 1954 году на Всероссийской сельскохозяйственной выставке он завоевал титул чемпиона породы за выдающееся по качеству потомство: лактирующие коровы-дочери имели удой на 215 кг, жирность молока на 0,06% и живую массу выше коров-матерей и своих сверстниц [11].

¹ Федеральная научно-техническая программа развития сельского хозяйства на 2017–2030 годы [электронный ресурс]. URL: <https://minobrnauki.gov.ru/about/deps/dkdovssn/ftnp/>

Рис. 1. А) Фотография быка Салата 1216 [13]; Б) Скелет быка Салата 1216 костромской породы в Музее ФГБОУ ВО «Костромская ГСХА»

Fig. 1. А) Photograph of the 1216 Lettuce bull [13]; Б) The skeleton of the 1216 Kostroma breed Lettuce bull in the Museum of the Kostroma State Agricultural Academy



А



Б

Бык Салат 1216 (КТКС-84) родился в 1942 году в совхозе «Караваяево» Костромской области от коровы Сдобы КТКС-87 и быка Вапулы КТКС-16. Отец Салата, бык Вапула КТКС-16, через свою мать — корову Чайку КТКС-416 — связан с быками швицкой породы, оказавшими большое влияние на формирование массива костромской породы — Прутом ИШ-54 и Капралом ЧШ-21. Мать Салата — корова Сдоба КТКС-87 — была инбридирована в степени II–II на выдающегося караваевского быка Артиста ИШ-54 и отличалась высокой продуктивностью (за 300 дней лактации составил 7627 кг молока с жирностью 3,62%) [5].

Бык Салат 1216 объединяет в себе качества лучших животных стада «Караваяево» и стад Заречной зоны Костромского района. От 34 дочерей Салата КТКС-83 в стаде племязавода «Караваяево» были получены по 6198 кг молока с жирностью 3,93% [5]. От Салата 1216 была получена корова-рекордистка Красивая КТКС-710, давшая по второй лактации 12 516 кг молока с жирностью 3,8% и в последствии принесящая выдающегося быка-производителя Курса ИКС-161, который дал начало новой заводской линии [11].

Современные исследования показали, что наибольший процент многоплодных дочерей был выявлен в ОАО «Племзавод «Караваяево»» в линии Салата 1216 — в 1,4 раза выше среднего показателя по выборке ($p < 0,01$) [12].

Благодаря сочетанию выдающегося экстерьера и высокой препотентности в отношении продуктивных качеств бык Салат 1216 (КТКС-83) стал основателем одной из старейших заводских линий костромской породы. Линия Салата КТКС-83 считается не только обильномолочной, но и жирномолочной, животные имеют красивые формы экстерьера². Однако из-за крайне широкого использования семени потомков Салата КТКС-83

в стадах с различным генофондом, продуктивностью, уровнем и качеством кормления продуктивные показатели линии стали снижаться и к 1980 году слабо отличались как по удою (от +9 до -15 кг), так и по содержанию (+0,08%) и выходу молочного жира (от +2,3 до -0,8 кг) по сравнению со сверстницами их дочерей [5].

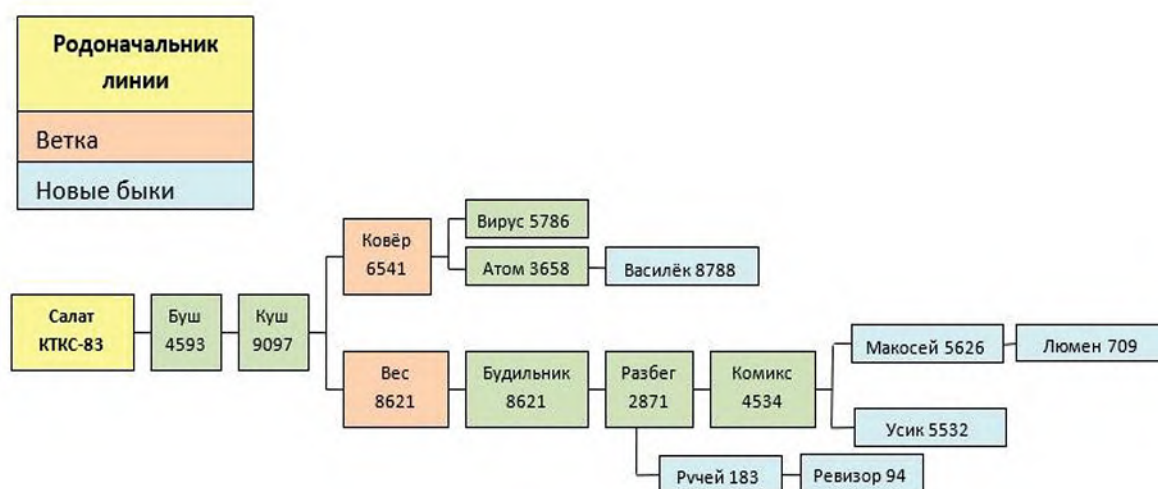
В недавних исследованиях сочетаемости линий и родственных групп костромской породы (Баранова, Королев, Казаков, 2024 г.) установлен определенный потенциал коров линии Салата 1216 при их кроссировании с быками родственной группы Меридиана 106157 по повышению удою и содержанию белка в молоке [13]. Селекционную работу с линией Салата КТКС-83 проводили по трем основным веткам — Софика КТКС-332, Коконка КТКС-331 и Буша 4593 (КТКС-451), при этом поголовье крупного рогатого скота (коров и быков) линии Салата в Костромской области составляло 9,02%, а по всей породе — 3,37% от общего поголовья [5].

В настоящее время в генеалогической структуре племенных хозяйств Костромской области 7% маточного поголовья всех возрастов принадлежит к линии Салата 1216 (КТКС-83). Работа с линией продолжается только по ветке Буша 4593 (рис. 2).

Таким образом, заводская линия быка Салата 1216 костромской породы до сих пор обладает большим генетическим потенциалом, однако остается малоизученной с позиции молекулярной генетики.

Цели работы — сравнительное исследование музейных и современных образцов крупного рогатого скота костромской породы, анализ сохранности и распространенности генетических компонентов быка Салата 1216 в современной популяции породы.

²Линия Салата 1216. Костромская порода коров [электронный ресурс]. URL: <https://vk.com/@-198440666-liniya-salata-1216> (дата обращения: 28.04.2025).

Рис. 2. Генеалогическая структура линии Салата 1216 в разрезе ветки Буша 4593**Fig. 2.** Genealogical structure of the Salat 1216 line in the context of the Bush branch

Материалы и методы исследования / Materials and methods

Для восполнения данных о генотипе родоначальника линии быка Салата 1216 в мае 2024 года были отобраны образцы ДНК его скелета, находящегося в музее ФГБОУ ВО «Костромская ГСХА», и переданы на изучение в лабораторию функциональной и эволюционной геномики животных ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста³.

Материалом для исследований служили фрагменты зуба быка Салата 1216. Зуб был извлечен из черепа, обработан детергентом и промыт дистиллированной водой, после чего облучен ультрафиолетовым светом (254 нм) для снижения вероятности контаминации современной ДНК. Далее от зуба был отделен фрагмент корня и с помощью ультрацентрифужной мельницы измельчен до состояния костного порошка. Геномную ДНК выделяли с использованием коммерческого набора COReDIS Extract decalcine (GORDIZ LLC, г. Москва, Россия) по протоколу, рекомендуемому производителем набора, с изменением количества костного порошка (200 ± 5 мг) и условий лизиса (56°C с ротацией 1200 об/мин в течение 16 ч.).

В качестве групп сравнения в анализ были включены образцы биологического материала, полученные из черепов костромской (KSTRM_H, $n = 3$) и бурой швицкой (BRSW_H, $n = 5$) пород, сохраняемых в краниологической коллекции музея им. Е.Ф. Лискуна (ФГБОУ ВО РГАУ-МСХА им. К.А. Тимирязева) и датируемых первой половиной XX века.

Кроме исторических образцов, в анализ были включены современные образцы биологического материала (периферическая кровь, ушные выщипы, сперма) костромской породы (KSTRM, $n = 60$),

а также образцы бурой швицкой породы двух популяций: разводимой в России (BRSW, $n = 23$) и в Германии (BRSW_G, $n = 57$).

Геномную ДНК из образцов современного биологического материала выделяли с использованием коммерческого набора «Экстрен-2» («Синтол», г. Москва, Россия) в соответствии с рекомендациями производителя.

С целью исключения контаминации все манипуляции с использованием биологического материала исторических образцов проводили в лаборатории ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста, приспособленной для работы с древней ДНК [14], строго в разные дни с современными образцами. При выполнении исследований использовали оборудование ЦКП «Биоресурсы и биоинженерия сельскохозяйственных животных» ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста.

Девять микросателлитных локусов крупного рогатого скота, рекомендованных Международным обществом генетики животных (ISAG)⁴ (TGLA227, BM2113, ETH10, SPS115, TGLA122, INRA23, TGLA126, ETH225 и BM1824), объединенных в мультиплексную панель, были генотипированы при следующих условиях: ПЦР проводили в реакционной смеси объемом 10 мл, содержащей ПЦР-буфер, 200 мМ dNTPs, 1,0 мМ $MgCl_2$, 0,5 мМ смесью праймеров, 1 ед. Taq полимеразы и 1 мкл геномной ДНК. После начальной денатурации (95°C , 4 мин.) проводили 35 циклов при следующих температурных и временных режимах: 95°C , 20 с.; 63°C , 30 с. и 72°C , 1 мин. Финальную элонгацию проводили при 72°C в течение 10 мин.

Микросателлиты вместо SNP-маркеров, часто используемых в популяционно-генетических исследованиях, были выбраны по следующим

³ ДНК быка Салата послужит на благо российской науки / Портал ФГБОУ ВО «Костромская ГСХА».

URL: <https://kgsxa.ru/11133-dnk-byka-salata-posluzhit-na-bлаго-rossijskoj-nauki> (дата обращения: 28.04.2025).

⁴ FAO. Molecular Genetic Characterization of Animal Genetic Resources; FAO Animal Production and Health Guidelines: Rome, Italy. 2011; 68–69. Available online: <http://www.fao.org/3/i2413e/i2413e00.pdf>

причинам: полученная из исторических образцов ДНК, как правило, имеет низкую концентрацию, что осложняет получение корректных результатов на SNP-чипах, поскольку для этого типа анализа требуется большее количество ДНК, чем для проведения ПЦР при анализе STR-маркеров, а также возможно возникновение ошибок определения генотипа в отдельных локусах из-за сильной деградации ДНК в результате постмортальных изменений, обусловленных гидролитическим дезаминированием цитозина в урацил.

Генотипирование исторических образцов проводили минимум в пяти повторах для определения консенсусного генотипа, как описано ранее [15]. При генотипировании исторических образцов в каждом повторе использовали отрицательный контроль (реакция ПЦР без матрицы ДНК) для контроля контаминации.

Анализ фрагментов проводили на генетическом анализаторе ABI3130xl (Applied Biosystems, Беверли, Массачусетс, США) с использованием GeneScan™-350 ET ROX в качестве стандарта фрагментов. Для определения длин фрагментов использовали программное обеспечение Gene Mapper v. 4 (Applied Biosystems, Беверли, Массачусетс, США). Размеры аллелей были стандартизированы в соответствии с ISAG International Bovine (Bos Taurus) STR typing comparison test 2018–2019.

В ходе работы проведена оценка изменчивости аллелофонда и филогенетических взаимосвязей исследуемых популяций. С использованием программы GenAlEx [16] определяли среднее число аллелей (N_a) и эффективное число аллелей (N_e) на локус, число частных аллелей на локус (P_a), наблюдаемую (H_o) и ожидаемую (H_e) гетерозиготность, коэффициент инбридинга (FIS).

Анализ главных компонент (Principal Component Analysis, PCA) и оценку степени миграции генов между популяциями на основе частот аллелей микросателлитов проводили в программной среде R 3.5.0⁵ с использованием пакетов diveRsity, adegenet, ggplot2.

Результаты и обсуждение / Results and discussion

В исследованных группах с использованием программного продукта GenAlEx [16] были оценены показатели аллельного разнообразия на основании генотипов по 9 STR-локусам (табл. 1).

Как видно из данных таблицы 1, всего в исследуемой выборке были идентифицированы 69 аллелей, наиболее полиморфными были локусы TGLA122 и TGLA227 (по 12 аллелей в каждом), наименее полиморфными — локусы BM1824, TGLA126 и ETH10 (по 5 аллелей в

Таблица 1. Аллельное разнообразие исследованных групп

Table 1. Allelic diversity of the studied groups

Локус	BRSW_G	BRSW	BRSW_H	KSTR_H	Salat	KSTRM	N_a
n	57	23	5	3	1	60	
TGLA227	7	10(1) ¹	8(1)	5	2	8	12
BM2113	8(2)	6	5	4	2	6	8
ETH10	4	4	5	4	2	4	5
SPS115	5	5	3	3	1	6(1)	6
TGLA122	8(1)	7	6(1)	3	2	9(1)	12
INRA23	6(2)	6(1)	4	2	2	6	9
TGLA126	5(1)	4	3	2	1	4	5
ETH225	5	6	5	3	1	7(1)	7
BM1824	4	4	5(1)	4	2	4	5
Итого:	52(6)	52(2)	44(3)	30	15	54(3)	69

Примечание: современные популяции: BRSW_G — бурая швицкая порода (немецкая селекция), BRSW — бурая швицкая порода (русская селекция); KSTRM — костромская порода; исторические популяции: BRSW_H — бурая швицкая порода; KSTR_H — костромская порода; Salat — бык Салат; n — количество образцов в группе; N_a — выявлено аллелей в локусе; ¹ количество аллелей (количество частных аллелей).

каждом). Современная популяция костромской породы превосходила обе современные популяции бурой швицкой породы по количеству аллелей (54 против 52 соответственно), однако уступала немецкой популяции по количеству частных аллелей.

У исторической популяции бурой швицкой породы обнаружены 44 аллеля, из которых 3 были уникальными для данной группы, в то время как у исторической костромской частных аллелей выявлено не было. Это может объясняться как малым размером выборки в исторических группах, так и более существенным изменением генофонда бурой швицкой породы по сравнению с костромской. У быка Салата были выявлены 15 аллелей (из 9 локусов 6 были гетерозиготными), однако частных аллелей выявлено не было, что может свидетельствовать о сохранении присущих ему аллельных вариантов в современной костромской породе.

Анализ структуры филогенетических деревьев (рис. 3) показал, что немецкая и историческая популяции бурой швицкой породы сформировали объединенную ветвь, в то время как остальные группы локализовались на другой ветви. Интересно отметить, что Салат кластеризовался между современной и исторической популяциями костромской породы. Современная популяция бурой швицкой породы русской селекции располагалась на одной ветви с группой костромских образцов, что может свидетельствовать об обмене генетическим материалом между бурой швицкой и костромской породами.

С целью более полного понимания изменений в частотах встречаемости аллелей были составлены

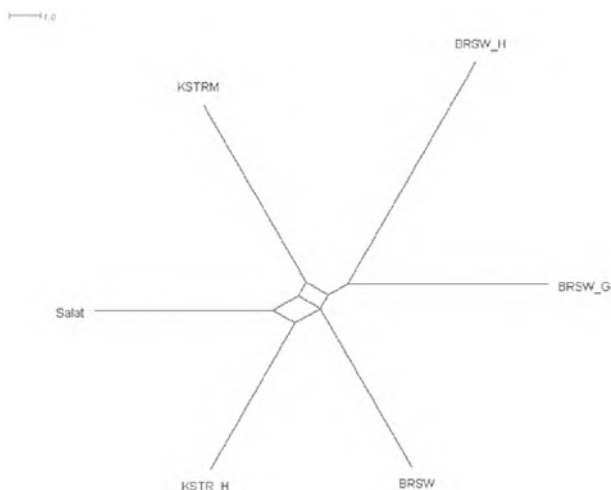
⁵ R Core Team. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. 2021. URL: <https://www.R-project.org/>

Рис. 3. Дендрограмма на основании попарных генетических дистанций FST для изучаемых исторических и современных популяций скота

Примечание: современные популяции: BRSW_G — бурая швицкая порода (немецкая селекция), BRSW — бурая швицкая порода (российская селекция); KSTRM — костромская порода; исторические популяции: BRSW_H — бурая швицкая порода; KSTR_H — костромская порода; Salat — бык Салат.

Fig. 3. Dendrogram based on pairwise genetic distances FST for the studied historical and modern livestock populations

Note: modern populations: BRSW_G — brown Swiss breed (German breeding), BRSW — brown Swiss breed (Russian breeding); KSTRM — Kostroma breed; historical populations: BRSW_H — brown Swiss breed; KSTR_H — Kostroma breed; Salat — bull Salad.



аллельные профили для каждой исследуемой группы. В каждой исследуемой группе для каждого локуса в отдельности определены аллели с максимальной частотой встречаемости (рис. 4). Такие аллели были приняты как характерные (наиболее часто встречающиеся) для данной популяции.

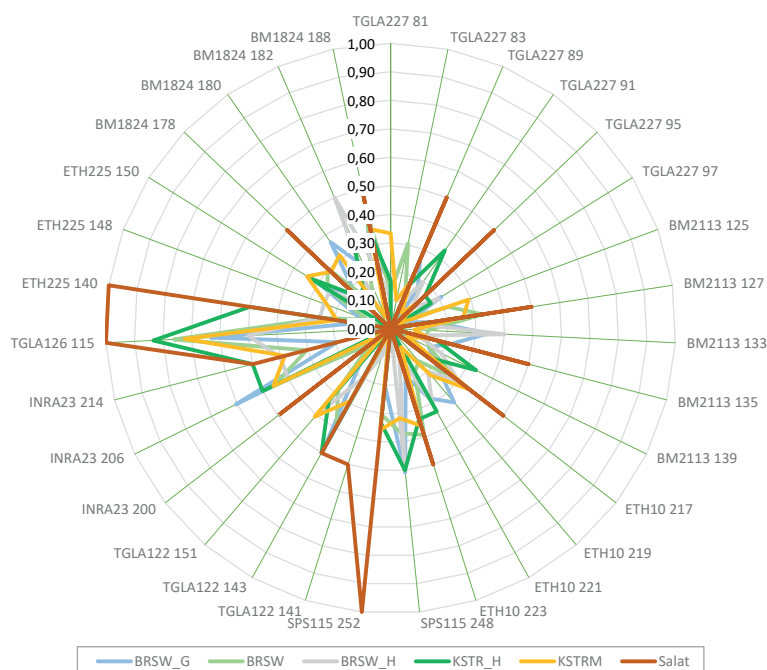
Как видно из данных рисунка 2, наиболее сильно группы отличались по локусу TGLA227, в котором обнаружены 6 разных аллелей, характерных

Рис. 4. Аллельные профили исследованных групп на основании анализа 9 STR-локусов

Примечание: современные популяции: BRSW_G — бурая швицкая порода (немецкая селекция), BRSW — бурая швицкая порода (российская селекция); KSTRM — костромская порода; исторические популяции: BRSW_H — бурая швицкая порода; KSTR_H — костромская порода; Salat — бык Салат; * TGLA227 81 — название локуса и размер аллеля.

Fig. 4. Allele profiles of the studied groups based on the analysis of 9 STR loci

Note: modern populations: BRSW_G — brown Swiss breed (German breeding), BRSW — brown Swiss breed (Russian breeding); KSTRM — Kostroma breed; historical populations: BRSW_H — brown Swiss breed; KSTR_H — Kostroma breed; Salat — bull Lettuce; * TGLA227 81 — locus name and allele size.



для исследованных популяций. Наименьшие различия выявлены для локуса TGLA126, в котором обнаружен аллель 115, общий для всех групп.

Стоит отметить, что аллельный профиль Салата в 6 из 9 локусов (BM2113, ETH10, TGLA122, INRA23, ETH225, BM1824) совпадал с профилем исторической популяции костромской породы, а в 4 из 9 локусов (ETH10, SPS115, INRA23, BM1824) — с профилем современной костромской породы, что может быть связано с некоторым изменением частот аллелей в процессе селекционной работы.

Оценка количества аллелей, общих для пар популяций (табл. 2), показала, что наименьшее количество общих аллелей выявлено для Салата и разных популяций бурой швицкой породы (от 25,00 до 29,55%). В современной популяции костромской породы большинство аллелей (96,67%) совпадало с аллелями, выявленными в исторической популяции.

Стоит отметить, что 100% аллелей, выявленных у быка Салата, обнаруживались в современной популяции костромской породы. Проведена оценка генетической структуры исследуемых популяций с использованием алгоритмов кластерного анализа (рис. 5).

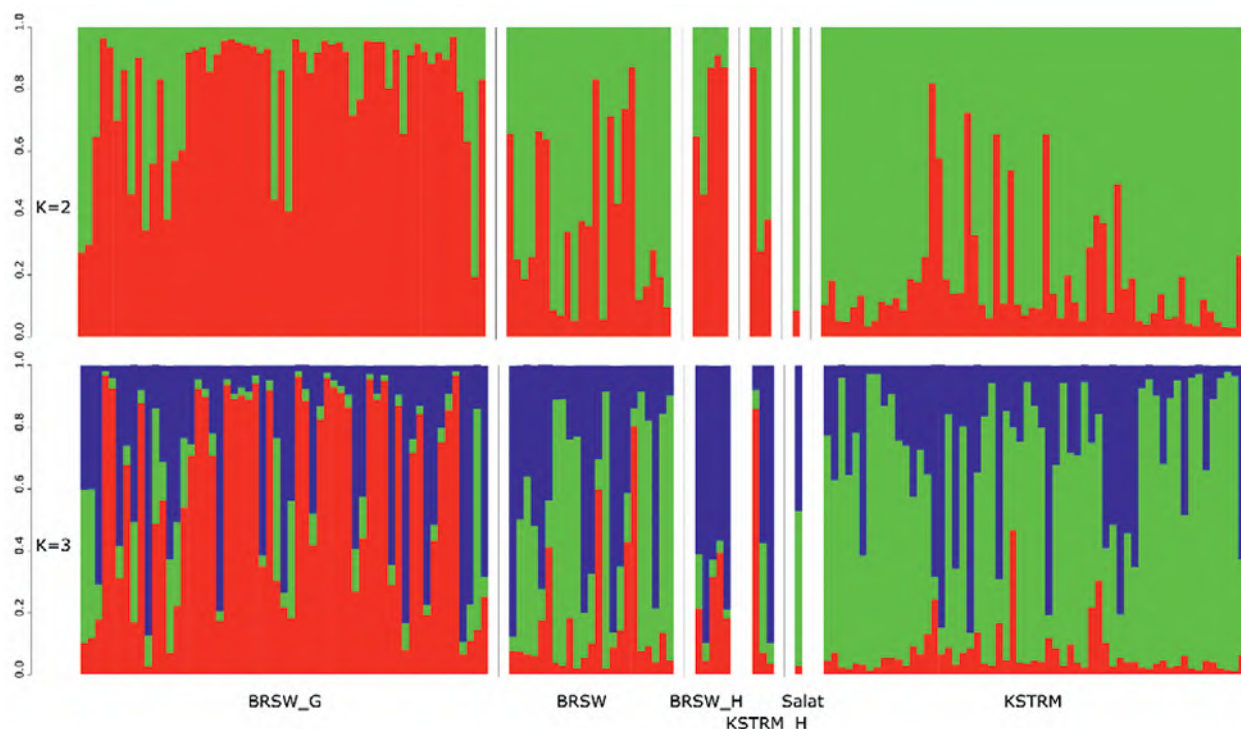
Таблица 2. Генетическая дифференциация популяций

Table 2. Genetic differentiation of populations

	BRSW_G	BRSW	BRSW_H	KSTR_H	Salat	KSTRM
BRSW_G	52	42	36	28	13	44
BRSW	80,77	52	38	29	14	48
BRSW_H	69,23	73,08	44	28	13	38
KSTR_H	53,85	55,77	63,64	30	13	29
Salat	25,00	26,92	29,55	43,33	15	15
KSTRM	84,62	92,31	86,36	96,67	100	54

Примечание: под диагональю — доля общих аллелей; над диагональю — количество аллелей, общих для двух групп; диагональ — общее количество аллелей в группе.

Рис. 5. Генетическая структура исследованных групп скота
Fig. 5. Genetic structure of the studied cattle groups



Как видно из данных (рис. 5), при количестве кластеров $K = 2$ в исследуемой выборке дифференцируются бурые швицкие и костромские образцы, причем историческая группа костромской породы несет значительную долю генетических компонентов, характерных для бурой швицкой породы. Это может быть связано с тем, что образцы KSTRM_H датированы началом XX века, то есть этапом создания костромской породы посредством улучшения местного скота бурыми швицкими быками. При этом современная бурая швицкая порода российской селекции демонстрирует генетические компоненты, общие с костромской породой, что может быть связано с использованием бурой швицкой в качестве улучшающей породы [17].

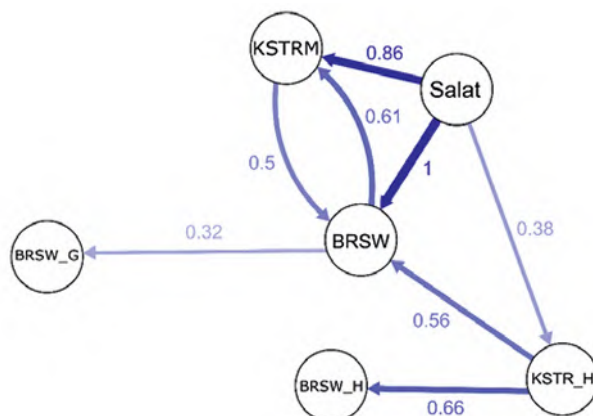
При увеличении количества кластеров до $K = 3$ наблюдалась дифференциация трех групп генетических компонентов: характерных для бурой швицкой породы немецкой селекции (красный цвет); свойственных костромской породе (зеленый цвет); компонентов, в разной степени общих для всех исследуемых групп (синий цвет).

Интересно отметить, что в современной костромской породе преобладают (в среднем 64,82%) генетические компоненты, характерные для быка Салата. При этом генетический профиль самого Салата на 50% состоит из «костромских» компонентов, на 47,1% — из компонентов, общих для всех исследуемых выборок, на 2,9% — из компонентов, характерных для бурой швицкой породы.

На основании частот аллелей с использованием меры дифференциации D , предложенной Jost [18], был проведен анализ степени миграции генов между исследованными популяциями (рис. 6).

Рис. 6. Относительная миграция генов между исследованными популяциями на основании оценок D Jost

Fig. 6. Relative gene migration between the studied populations based on D Jost estimates



Как видно на рисунке 6, выявлена односторонняя интрогрессия генов от Салата в современные костромскую и бурую швицкую популяции. Наблюдался некоторый поток генов в историческую популяцию костромской породы. Кроме того, выявлен интенсивный обмен генетическим материалом между современными популяциями костромской породы и бурой швицкой породы российской селекции, что не противоречит истории развития этих пород. В костромской породе выявлено как изменение, так и сохранение частот аллелей в некоторых локусах в результате селекционной работы, в то время как исследование образцов черно-пестрой породы 70–80-х годов XX века показало возрастание доли аллелей, связанных с повышенной чувствительностью к лейкозу, что может быть результатом активного использования улучшающей породы [19].

Анализ филогенетических связей локальных пород европейского и азиатского происхождения на основании микросателлитных локусов подтвердил генетическую обособленность костромской и бурой швицкой пород друг от друга [20].

В проведенных ранее исследованиях генетической дифференциации популяций внутри костромской породы на основании частот аллелей генов мясной продуктивности высказаны предположения о влиянии эффекта основателя на структуру породы [2].

Имеются сведения об аллелофонде коров линии Салата по EAB-локусу: b — 0,0882; O' — 0,1176; O1 — 0,0882; P1I' — 0,0882; I1G'G» — 0,2647; Y2G'Y'G» — 0,2940; B2G3QT1A'1 P' — 0,0588; B1O3Y2A'E'G'P'Q'Y' — 0,2128 [21]. При этом, как отмечают Ф.Н. Янченко, А.А. Ильинский, Р.Г. Глуценко и соавт. (1982 г.), степень гомозиготности (Ca) на момент составления плана племенной работы у животных линии Салата составляла 10,8% при общей степени гомозиготности в стаде ПЗ «Караваево» на уровне 14%, отмечаясь наименьшей консолидированностью наследственности по сравнению с линиями Ладка и Каро [5].

На данный момент получены 6 быков линии Салата 1216: Ручей 183, Василёк 8788, Макошей 5626, Усик 5532, Ревизор 94 и Люмен 709 [6]. Установлено, что как минимум два из названных

быков несут в своем генотипе желательные аллели по генам бета- и каппа-казеина^{6, 7}. Усилия специалистов-селекционеров, работающих с костромской породой скота, в дальнейшем будут направлены на увеличение маточного поголовья линии Салата 1216 [17, 22].

Выводы/Conclusions

Проведенные сравнительные исследования музейных и современных образцов ДНК крупного рогатого скота костромской и бурой швицкой пород выявили обособленность генетического профиля родоначальника костромской породы — быка Салата 1216 — от профиля улучшающей бурой швицкой породы, что свидетельствует о важном этапе в формировании новой на тот момент породы — костромской.

В результате работы было установлено сохранение генетических компонентов быка Салата в современных популяциях костромской породы, несмотря на использование улучшающей швицкой породы.

Таким образом, с помощью молекулярно-генетического анализа достоверно подтверждено сохранение генофонда и закрепленных в нем уникальных качеств отечественной костромской породы крупного рогатого скота, несмотря на длительное использование улучшающей породы в селекционной работе.

⁶ Каталог быков отечественных молочных пород / Портал Головного центра по воспроизводству сельскохозяйственных животных [электронный ресурс].

URL: <https://oaohcr.ru/bulls/milk/otechestvennye-porody/filter/breed-is-kostr/apply/> (дата обращения: 28.04.2025).

⁷ Семья быков костромской породы: каталог быков АО «Ярплем» / Ярославское. Региональный информационно-селекционный центр.

URL: <https://yarplem.ru/seed-bulls/kostromskaya/> (дата обращения: 28.04.2025).

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.

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.

ФИНАНСИРОВАНИЕ

Работа выполнена при финансовой поддержке российского научного фонда (проект № 19-76-20012).

FUNDING

Supported financially by Russian Science Foundation (project No. 19-76-20012).

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

1. Чинаров В.И. Породные ресурсы скотоводства России. *Достижения науки и техники АПК*. 2020; 34(7): 80–85. <https://www.elibrary.ru/rpcvfi>
2. Лазебная И.В., Перчун А.В., Лазебный О.Е. Внутрипородная дифференциация аборигенной костромской породы крупного рогатого скота на основе SNP-маркеров мясной продуктивности. *Успехи современной биологии*. 2022; 142(5): 463–476. <https://doi.org/10.31857/S0042132422050088>
3. Лискун Е.Ф. Отечественные породы крупного рогатого скота. М.: Государственное издательство сельскохозяйственной литературы. 1949; 176.
4. Парамонова Н.Ю., Баранов А.В., Баранова Н.С., Гусева Т.Ю., Королев А.А., Казаков Д.С. Костромская порода крупного рогатого скота — ценный генофонд отечественного животноводства. *Аграрный вестник Нечерноземья*. 2021; (1): 6–17. https://doi.org/10.52025/2712-8679_2021_01_6
5. Янченко Ф.Н. и др. План племенной работы с костромской породой крупного рогатого скота в Нечерноземной зоне РСФСР на 1980–1990 годы. Кострома. 1982; 221.

REFERENCES

1. Chinarov V.I. Resources of Russian cattle breeding. *Achievements of science and technology in agribusiness*. 2020; 34(7): 80–85 (in Russian). <https://www.elibrary.ru/rpcvfi>
2. Lazebnaya I.V., Perchun A.V., Lazebny O.E. Intra-breed differentiation of the aboriginal Kostroma cattle breed based on SNP markers of meat productivity. *Advances in modern biology*. 2022; 142(5): 463–476. <https://doi.org/10.31857/S0042132422050088>
3. Liskun E.F. Domestic breeds of cattle. Moscow: State Publishing House of Agricultural Literature. 1949; 176 (in Russian).
4. Paramonova N.Yu., Baranov A.V., Baranova N.S., Guseva T.Yu., Korolev A.A., Kazakov D.S. Kostroma breed of cattle is a valuable gene pool of domestic livestock. *Agrarian bulletin of the non-Chernozem region*. 2021; (1): 6–17 (in Russian). https://doi.org/10.52025/2712-8679_2021_01_6
5. Yanchenko F.N. et al. Breeding plan for the Kostroma breed of cattle in the Non-Black Earth Zone of the RSFSR for 1980–1990. Kostroma. 1982; 221 (in Russian).

6. Королев А.А., Баранова Н.С. Племенная ценность и перспективы разведения крупного рогатого скота костромской породы. *Отечественные породы крупного рогатого скота как драйвер развития животноводческой отрасли. Материалы Всероссийской научно-практической конференции, посвященной 80-летию костромской породы крупного рогатого скота, 80-летию Костромской области, 75-летию Костромской государственной сельскохозяйственной академии*. Караваево: Костромская ГСХА. 2024; 32–42. <https://www.elibrary.ru/aejrud>
7. Жукова Е.В., Савина Е.Д., Корневская П.А., Пастух О.Н. Качественная оценка молока — сырья отечественных пород крупного рогатого скота. *Сельскохозяйственный журнал*. 2024; (1): 109–119. <https://www.elibrary.ru/ffldwx>
8. Позднякова В.Ф. Современное состояние и пути совершенствования высокопродуктивных коров отечественных пород. *Отечественные породы крупного рогатого скота как драйвер развития животноводческой отрасли. Материалы Всероссийской научно-практической конференции, посвященной 80-летию костромской породы крупного рогатого скота, 80-летию Костромской области, 75-летию Костромской государственной сельскохозяйственной академии*. Караваево: Костромская ГСХА. 2024; 82–89. <https://www.elibrary.ru/iarhgp>
9. Середина Н.А., Фадеева Г.В. Экономическая эффективность костромской породы крупного рогатого скота. *Аграрный вестник Нечерноземья*. 2021; (1): 50–55. https://doi.org/10.52025/2712-8679_2021_01_50
10. Чаицкий А.А. и др. Влияние генотипов гена каппа-казеина на сыропригодные свойства молока коров. *Вестник АПК Верхневолжья*. 2022; (2): 33–43. <https://doi.org/10.35694/YARCX.2022.58.2.005>
11. Королев А.А., Баранова Н.С., Баранов А.В. Характеристика основных линий и родственных групп скота костромской породы. *Труды Костромской государственной сельскохозяйственной академии*. Кострома: Костромская ГСХА. 2018; 88: 44–53. <https://www.elibrary.ru/ylogod>
12. Баранова Н.С., Баранов А.В. Повышение плодovitости как метод сохранения генофонда скота костромской породы. *70 лет костромской породе скота. Сборник статей Всероссийской научно-практической конференции, посвященной 70-летию костромской породы крупного рогатого скота*. Караваево: Костромская ГСХА. 2014; 72–82. <https://www.elibrary.ru/joqtrv>
13. Баранова Н.С., Королев А.А., Казаков Д.С. Влияние различных типов подбора на молочную продуктивность коров костромской породы. *Вестник НГАУ (Новосибирский государственный аграрный университет)*. 2024; (3): 134–145. <https://doi.org/10.31677/2072-6724-2024-72-3-134-145>
14. Абдельманова А.С. и др. Методы экстракции ДНК из костных образцов крупного рогатого скота, сохраняемых в краниологической коллекции. *Сельскохозяйственная биология*. 2019; 54(6): 1110–1121. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2019.6.1110rus>
15. Абдельманова А.С. и др. Определение консенсусных генотипов по микросателлитам у музейных краниологических образцов крупного рогатого скота (*Bos taurus*). *Сельскохозяйственная биология*. 2023; 58(6): 1035–1045. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2023.6.1035rus>
16. Peakall R., Smouse P.E. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research — an update. *Bioinformatics*. 2012; 28(19): 2537–2539. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460>
17. Королев А.А., Баранова Н.С., Кузьменков И.И., Казаков Д.С. Племенная база костромской породы крупного рогатого скота: состояние, проблемы и перспективы. *Вестник АПК Верхневолжья*. 2023; (3): 27–36. <https://doi.org/10.35694/YARCX.2023.63.3.003>
18. Jost L. G_{ST} and its relatives do not measure differentiation. *Molecular Ecology*. 2008; 17(18): 4015–4026. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2008.03887.x>
19. 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; (12): 104–108. <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-389-12-104-108>
20. Svishcheva G., Babayan O., Lkhasaranov B., Tsendsuren A., Abdurasulov A., Stolpovsky Y. Microsatellite Diversity and Phylogenetic Relationships among East Eurasian *Bos taurus* Breeds with an Emphasis on Rare and Ancient Local Cattle. *Animals*. 2020; 10(9): 1493. <https://doi.org/10.3390/ani10091493>
6. Korolev A.A., Baranova N.S. Breeding value and prospects for breeding cattle of the Kostroma breed. *Domestic breeds of cattle as a driver for the development of the livestock industry. Proceedings of the All-Russian scientific and practical conference dedicated to the 80th anniversary of the Kostroma breed of cattle, the 80th anniversary of Kostroma region, and the 75th anniversary of Kostroma State Agricultural Academy*. Karavayevo: Kostroma State Agricultural Academy. 2024; 32–42 (in Russian). <https://www.elibrary.ru/aejrud>
7. Zhukova E.V., Savina E.D., Korenevskaya P.A., Pastukh O.N. Qualitative assessment of milk — raw material of domestic cattle breeds. *Agricultural Journal*. 2024; (1): 109–119 (in Russian). <https://www.elibrary.ru/ffldwx>
8. Pozdnyakova V.F. Current status and ways to improving highly productive cows of domestic breeds. *Domestic breeds of cattle as a driver for the development of the livestock industry. Proceedings of the All-Russian scientific and practical conference dedicated to the 80th anniversary of the Kostroma breed of cattle, the 80th anniversary of Kostroma region, and the 75th anniversary of Kostroma State Agricultural Academy*. Karavayevo: Kostroma State Agricultural Academy. 2024; 82–89 (in Russian). <https://www.elibrary.ru/iarhgp>
9. Sereda N.A., Fadeeva G.V. Economic efficiency of the Kostroma cattle breed. *Agrarian bulletin of the non-Chernozem region*. 2021; (1): 50–55 (in Russian). https://doi.org/10.52025/2712-8679_2021_01_50
10. Chaitsky A.A. et al. Influence of genotypes of kappa-casein gene on cheese properties of cow's milk. *Herald of Agroindustrial complex of Upper Volga region*. 2022; (2): 33–43 (in Russian). <https://doi.org/10.35694/YARCX.2022.58.2.005>
11. Korolev A.A., Baranova N.S., Baranov A.V. Characteristics of main lines and related group of cattle of Kostroma breed. *Proceedings of Kostroma State Agricultural Academy*. Kostroma: Kostroma State Agricultural Academy. 2018; 88: 44–53 (in Russian). <https://www.elibrary.ru/ylogod>
12. Baranova N.S., Baranov A.V. Increasing fertility as a method to maintain the Kostroma breed gene pool. *70 years of the Kostroma breed of cattle. Collection of articles from the All-Russian scientific and practical conference dedicated to the 70th anniversary of the Kostroma breed of cattle*. Karavayevo: Kostroma State Agricultural Academy. 2014; 72–82 (in Russian). <https://www.elibrary.ru/joqtrv>
13. Baranova N.S., Korolev A.A., Kazakov D.S. Impact of different types of selection on the milk productivity of Kostroma breed cows. *Bulletin of NSAU (Novosibirsk State Agrarian University)*. 2024; (3): 134–145 (in Russian). <https://doi.org/10.31677/2072-6724-2024-72-3-134-145>
14. Abdelmanova A.S. et al. Comparative study of different methods of DNA extraction from cattle bones specimens maintained in a craniological collection. *Agricultural Biology*. 2019; 54(6): 1110–1121. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2019.6.1110eng>
15. Abdelmanova A.S. et al. Determination of consensus genotypes by microsatellites for museum accessions of cattle (*Bos taurus*). *Agricultural Biology*. 2023; 58(6): 1035–1045. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2023.6.1035eng>
16. Peakall R., Smouse P.E. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research — an update. *Bioinformatics*. 2012; 28(19): 2537–2539. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460>
17. Korolev A.A., Baranova N.S., Kuzmenkov I.I., Kazakov D.S. Breeding base of the Kostroma cattle breed: state, problems and prospects. *Herald of Agroindustrial complex of Upper Volga region*. 2023; (3): 27–36 (in Russian). <https://doi.org/10.35694/YARCX.2023.63.3.003>
18. Jost L. G_{ST} and its relatives do not measure differentiation. *Molecular Ecology*. 2008; 17(18): 4015–4026. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2008.03887.x>
19. 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; (12): 104–108 (in Russian). <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-389-12-104-108>
20. Svishcheva G., Babayan O., Lkhasaranov B., Tsendsuren A., Abdurasulov A., Stolpovsky Y. Microsatellite Diversity and Phylogenetic Relationships among East Eurasian *Bos taurus* Breeds with an Emphasis on Rare and Ancient Local Cattle. *Animals*. 2020; 10(9): 1493. <https://doi.org/10.3390/ani10091493>

21. Баранов А.В., Парамонова Н.Ю., Баранова Н.С., Гусева Т.Ю., Королев А.А., Казаков Д.С. Костромская порода крупного рогатого скота в новом столетии: состояние и перспективы (обзор). *Аграрная наука Евро-Северо-Востока*. 2019; 20(6): 533–547. <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2019.20.6.533-547>

22. Гусева Т.Ю. Перспективы совершенствования племенной работы с линиями костромской породы. *70 лет костромской породе скота. Сборник статей Всероссийской научно-практической конференции, посвященной 70-летию костромской породы крупного рогатого скота*. Караваево: Костромская ГСХА. 2014; 14–20. <https://www.elibrary.ru/dnnhrh>

ОБ АВТОРАХ

Александра Сергеевна Абдельманова¹

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

Ксения Дмитриевна Чаицкая²

кандидат ветеринарных наук, заведующая лабораторией генетики и ДНК-технологий
kseniyasabetova@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0003-3282-4779>

Маргарет Сергеевна Форнара¹

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

Павел Олегович Щеголев²

кандидат сельскохозяйственных наук
bigboy25@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0003-3552-8457>

Алексей Александрович Чаицкий²

кандидат биологических наук, преподаватель
alekseichaitzkiy@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0002-5853-3809>

Оксана Игоревна Боронецкая³

кандидат сельскохозяйственных наук, ведущий научный сотрудник
liskun@rgau-msha.ru
orcid.org/0000-0001-8389-5572

Антон Александрович Королев²

кандидат сельскохозяйственных наук, заведующий региональным информационно-селекционным центром
toscha.koroliow@yandex.ru
<https://orcid.org/0000-0003-1561-5449>

Наталья Анатольевна Зиновьева¹

доктор биологических наук, академик Российской академии наук, профессор, директор
priemnaya-vij@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0003-4017-6863>

¹Федеральный исследовательский центр животноводства — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста, пос. Дубровицы, 60, г. о. Подольск, Московская обл., 142132, Россия

²Костромская государственная сельскохозяйственная академия, ул. Учебный городок, 34, Караваево, Костромской р-н, Костромская обл., 156530, Россия

³Российский государственный аграрный университет — МСХА им. К.А. Тимирязева, ул. Тимирязевская, 49, Москва, 127550, Россия

21. Baranov A.V., Paramonova N.Yu., Baranova N.S., Guseva N.Yu., Korolev A.A., Kazakov D.S. Kostroma cattle breed in the new century: the state and the prospects (review). *Agricultural Science Euro-North-East*. 2019; 20(6): 533–547 (in Russian). <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2019.20.6.533-547>

22. Guseva T.Yu. Prospects for improving the breeding lines of the Kostroma breed. *70 years of the Kostroma breed of cattle. Collection of articles from the All-Russian scientific and practical conference dedicated to the 70th anniversary of the Kostroma breed of cattle*. Karavayev: Kostroma State Agricultural Academy. 2014; 14–20 (in Russian). <https://www.elibrary.ru/dnnhrh>

ABOUT THE AUTHORS

Alexandra Sergeevna Abdelmanova¹

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

Ksenia Dmitrievna Chaickaya²

Candidate of Veterinary Sciences, Head of the Laboratory of Genetics and DNA Technologies
kseniyasabetova@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0003-3282-4779>

Margaret Sergeevna Fornara¹

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

Pavel Olegovich Shchegolev²

Candidate of Agricultural Sciences
bigboy25@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0003-3552-8457>

Alexey Alexandrovich Chaitzkiy²

Candidate of Biological Sciences, Lecturer
alekseichaitzkiy@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0002-5853-3809>

Oksana Igorevna Boronetskaya³

Candidate of Agricultural Sciences, Leading Researcher
liskun@rgau-msha.ru
orcid.org/0000-0001-8389-5572

Anton Aleksandrovich Korolev²

Candidate of Agricultural Sciences, Head of the Regional Information and Breeding Center
toscha.koroliow@yandex.ru
<https://orcid.org/0000-0003-1561-5449>

Natalia Anatolyevna Zinovieva¹

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

¹L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry,

60 Dubrovitsy, Podolsk Municipal District, Moscow Region, 142132, Russia

²Kostroma State Agricultural Academy, 34 Uchebny Gorodok Str., Karavayev, Kostroma district, Kostroma region, 156530, Russia

³Russian State Agrarian University — Moscow Timiryazev Agricultural Academy, 49 Timiryazevskaya Str., Moscow, 127550, Russia