

Научная статья  
 УДК 636.082: 575.113.2  
 doi:10.35694/YARCX.2025.72.4.013

## ГЕНЫ-МАРКЕРЫ МЯСНОЙ И МОЛОЧНОЙ ПРОДУКТИВНОСТИ КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА: TG, RORC И SCD (ОБЗОР)

П. О. Щеголев<sup>1</sup>, А. А. Чаицкий<sup>2</sup>, К. Д. Чаицкая<sup>3</sup>, В. А. Дуркина<sup>4</sup>

<sup>1, 2, 3, 4</sup>Костромская государственная сельскохозяйственная академия, Караваево, Россия

Автор, ответственный за переписку: Алексей Александрович Чаицкий,  
 leha.chaittskiy@mail.ru, ORCID 0000-0002-5853-3809

**Реферат.** В статье приводятся литературные сведения о гене тиреоглобулина (TG), орфанного рецептора С ретиноевой кислоты (RORC) и стеарол-КоА-десатуразы (SCD1). В качестве перспективного ДНК-маркера в гене TG рассматривается полиморфизм C422T, ассоциированный, по данным многочисленных исследований, с накоплением внутримышечного жира при откорме скота и соотношением различных жирных кислот в мясе, а также с удоём и жирномолочностью молочных коров. При этом генотип CC, связанный с высоким удоём, чаще встречается у чёрнопёстрой, холмогорской и костромской пород, а генотип TT, ассоциированный с повышенной «мраморностью» мяса и жирностью молока – у герефордской, симментальской и казахской белоголовой. В качестве перспективных ДНК-маркеров, локализованных в гене RORC, рядом исследователей предлагаются однонуклеотидные полиморфизмы g.3290T>G и g.3984A>G, связанные с повышенным отложением внутримышечного жира и «мраморностью» мяса. По содержанию желательной для «мраморности» мяса Т-аллели локуса RORCg.3290T>G значительно лидирует скот герефордской породы, а перспективный генотип GG локуса g.3984A>G присутствует в популяции скота абердин-ангусской и русской комолой пород. В качестве перспективного ДНК-маркера в гене SCD1 рассматривается полиморфизм T878C (A293V), ассоциированный с содержанием полиненасыщенных жирных кислот и внутримышечного жира в мясе, толщиной подкожного жира, удоём, содержанием жира и белка, а также жирнокислотным составом молока коров. При этом наибольшая доля животных с желательным для мясных качеств генотипом TT отмечается в симментальской и японской чёрной породах, а наибольшая доля носителей генотипа CC, связанного с повышенной молочной продуктивностью – в популяции голштинского скота.

*Ключевые слова:* крупный рогатый скот, ген, тиреоглобулин, орфанный рецептор С ретиноевой кислоты, стеарол-КоА-десатураза, мясная продуктивность, молочная продуктивность

## THE GENETIC MARKERS OF CATTLE BEEF AND MILK PRODUCTIVITY: TG, RORC AND SCD GENES (REVIEW)

P. O. Schiogolev<sup>1</sup>, A. A. Chaittskiy<sup>2</sup>, K. D. Chaickaya<sup>3</sup>, V. A. Durkina<sup>4</sup>

<sup>1, 2, 3, 4</sup>Kostroma State Agricultural Academy, Karavaevo, Russia

Author responsible for correspondence: Aleksey A. Chaittskiy,  
 leha.chaittskiy@mail.ru, ORCID 0000-0002-5853-3809

**Abstract.** The article provides literature information on the thyroglobulin gene (TG), orphan receptor C of retinoic acid (RORC), and stearyl-CoA desaturase (SCD1). The C422T polymorphism in the TG gene is considered a promising DNA marker, according to numerous studies it has been associated with the accumulation of intramuscular fat when fattening livestock and the ratio of various fatty acids in meat, as well as with milk yield and butterfat percentage of dairy cows. At the same time, the CC genotype associated with high milk yield is more common in Black-and-White, Kholmogory and Kostroma breeds while the TT genotype associated with increased "marbling" of meat and fat content of milk is more common in Hereford, Simmental and Kazakh White-headed breeds. As promising DNA markers localized in the RORC gene, a number of researchers have proposed single nucleotide polymorphisms g.3290T>G and g.3984A>G associated with increased intramuscular fat deposition and "marbling" of meat. In terms of the content of the T-allele of the RORC g.3290T>G locus, which is desirable for the marbling of meat, Hereford cattle significantly outperforms other breeds, while the promising GG genotype of the g.3984A>G locus is present in the population of Aberdeen Angus and Russian Hornless cattle. The T878C (A293V) polymorphism in the SCD1 gene is considered a promising DNA marker associated with the content of polyunsaturated fatty acids and intramuscular fat in meat, the thickness of subcutaneous fat, milk yield, fat and protein content, as well as the fatty acid composition of cow's milk. At the same time, the largest proportion of animals with the TT genotype desirable for meat qualities is observed in Simmental and Japanese Black breeds, and the largest proportion of carriers of the CC genotype associated with increased dairy productivity is observed in the Holstein cattle population.

*Keywords:* cattle, gene, thyroglobulin, orphan retinoic acid receptor C, stearyl-CoA desaturase, meat productivity, dairy productivity

**Введение.** Выращивание сверхремонтного молодняка крупного рогатого скота молочных пород в условиях отечественного скотоводства является важным источником говядины для населения страны. При помощи селекции молочного скота по ДНК-маркерам, связанным одновременно с признаками мясной и молочной продуктивности, представляется возможным повысить эффективность данного направления производства говядины, не ухудшая показатели молочной продуктивности животных. В связи с этим целью данной работы являлась систематизация актуальных литературных данных, касающихся полиморфизмов в генах TG, RORC и SCD и оценка их применимости в качестве ДНК-маркеров для комбинированной селекции крупного рогатого скота по признакам мясной и молочной продуктивности.

В обзоре впервые рассматриваются однонуклеотидные полиморфизмы в генах, вовлечённые в метаболические пути липидного обмена – тиреоглобулина (TG), рецептора С ретиноевой кислоты (RORC) и стеарол-КоА-десатуразы (SCD1) с позиции их применения при комбинированной селекции скота по признакам мясной и молочной продуктивности.

**Материал и методы исследования.** Для выполнения работы использовались базы данных электронных библиотек eLibrary (<https://elibrary.ru/>), КиберЛенинка (<https://cyberleninka.ru/>), PubMed (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/>) и ResearchGate (<https://www.researchgate.net/>). В ходе работы были изучены данные 326 литературных источников, из которых 30 включены в текст публикации.

Результаты исследования.

#### Ген тиреоглобулина (TG)

Тиреоглобулин – это один из ключевых белков щитовидной железы, который является предшественником тиреоидных гормонов – трийодтиронина (Т3) и тетраiodтиронина (Т4). Они высвобождаются путём гидролиза йодированного тиреоглобулина и секретируются в кровь. Гормоны щитовидной железы модулируют многие физиологические и биохимические процессы практически во всех тканях организма, влияют на рост клеток, дифференцировку тканей, гомеостаз жира в ор-

ганизме, принимают участие в формировании жировых клеток [1].

Тиреоглобулин представляет собой гликопротеин, который служит основой для выработки тиреоидных гормонов – трийодтиронина (Т3) и тетраiodтиронина (Т4). Эти гормоны играют ключевую роль в формировании адипоцитов, клеток, участвующих в накоплении и использовании жиров внутри организма [2].

Ген тиреоглобулина (TG) у крупного рогатого скота расположен на центромерном конце 14 хромосомы и содержит 37 экзонов\*. Согласно актуальным сведениям из биоинформатической базы данных Ensembl, в области гена тиреоглобулина локализовано 45234 различных полиморфизма, из которых 3257 мутаций непосредственно влияют на первичную структуру производного белка (замены аминокислот, сдвиг рамки чтения, стоп-кодоны, различные варианты сплайсинга)\*\* . На практике чаще всего используется полиморфизм С422Т, расположенный в 5'-нетранслируемой области гена TG.

В таблице 1 приведены частоты встречаемости генотипов и аллелей гена TG по локусу С422Т.

Как видно из данных таблицы 1, во всех исследованных популяциях отмечается преобладание аллеля С – от 0,560 в симментальской породе до 0,951 – в костромской. При этом наиболее редким генотипом является ТТ, встречающийся максимум у 21% популяции (в симментальской породе) и отсутствующий вовсе – в другой популяции симментальской породы, а также у костромского скота [4].

Согласно данным многих исследований, ген TG можно рассматривать в качестве гена-маркера, влияющего на накопление жира в организме, в частности, в молоке, а также на выход молочного жира и его процентное содержание в молоке. В то же время данный

\* TG thyroglobulin [*Bos taurus* (domestic cattle)] – Gene – NCBI. URL: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/280706/> (date of access: 14.08.2025).

\*\* Gene: TG (ENSBTAG00000007823) – Variant table – *Bos taurus* - Ensembl genome browser 114. URL: [https://www.ensembl.org/Bos\\_taurus/Gene/Variation\\_Gene/Table?db=core;g=ENSBTAG00000007823;r=14:8217497-8453435](https://www.ensembl.org/Bos_taurus/Gene/Variation_Gene/Table?db=core;g=ENSBTAG00000007823;r=14:8217497-8453435) (date of access: 24.07.2025).

Таблица 1 – Частоты аллелей и генотипов локуса TGC422T у разных пород крупного рогатого скота (по литературным данным)

Порода	Генотип			Аллель		Литературный источник
	СС	СТ	ТТ	С	Т	
Голштинская	49,0	43,3	7,7	0,707	0,293	Зиннатов и др., 2022 [3]
Чёрно-пёстрая	69,5	28,6	1,9	0,838	0,162	Лемякин и др., 2024 [4]
Симментальская	34,7	50,0	15,3	0,597	0,403	Ardicli et al., 2023 [5]
Холмогорская	63,5	32,1	4,4	0,800	0,200	Юльметьева, Шакиров, 2020 [1]
Костромская	90,1	9,9	0,0	0,951	0,049	Лемякин и др., 2024 [4]
Герефордская	38,0	54,0	8,0	0,650	0,350	Dzhulamanov, Gerasimov, 2024 [6]
Герефордская	56,0	28,0	16,0	0,700	0,300	Чижова и др., 2020 [7]
Казахская белоголовая	64,0	30,0	6,0	0,790	0,210	Чижова и др., 2020 [7]
Калмыцкая	68,0	28,0	4,0	0,820	0,180	Чижова и др., 2020 [7]
Красный горный скот	59,0	32,4	8,6	0,752	0,248	Halli et al., 2024 [8]

ген рассматривается как ген-кандидат мраморности мяса [1; 5].

Так, Т. А. Седых с соавторами (2020) в опытах на бычках герефордской и лимузинской пород было установлено достоверное влияние SNP TG5-C548T на показатели выхода жира в туше, убойную массу, содержание жира в длиннейшей мышце спины и общей пробе мяса-фарша [9]. Аналогичные результаты на бычках абердин-ангусской, герефордской и лимузинской пород были получены А. И. Ганджа с соавторами (2020), при этом отмечался более высокий убойный выход и выход туши у животных генотипа TGCC по сравнению с носителями аллеля Т [10]. При этом у телят казахской белоголовой породы с генотипом СС Г. М. Гончаренко с соавторами (2020) отмечали более высокую скорость роста живой массы за первый месяц жизни – на 124 г/сут. по сравнению с гетерозиготными сверстниками [11].

Полиморфизм TGC422T, по данным И. Н. Сычевой и соавторов (2023), также оказывает значительное ( $P < 0,05$ ) влияние на содержание стеариновой, линолевой и общее количество полиненасыщенных жирных кислот в мышечной ткани симментальских бычков, причём наибольшими показателями отличались гетерозиготы СТ [12]. В то же время К. М. Джуламанов и Н. П. Герасимов (2024) в опытах на бычках герефордской породы установили ассоциативную связь аллельного варианта Т данного локуса с усиленным синтезом жиров и менее выраженным накоплением белков в мышцах, причём наиболее сильно этот эффект проявляется у гомозиготных животных. При этом у носителей генотипа ТТ также отмечалось повышенное содержание полиненасыщенных жирных кислот в мышечной ткани [6]. Склонность носителей генотипа ТТ к наибольшему накоплению внутримышечного жира также подтверждена в исследованиях К. Halli, S. König и I. J. Giambra (2024) на немецкой популяции красного горного скота [8].

Помимо признаков мясной продуктивности, ген тиреоглобулина часто рассматривается как ДНК-маркер, ассоциированный с показателями молочной продуктивности коров. При этом наиболее перспективными с позиции хозяйственной полезности являются генотипы СТ и ТТ, обуславливающие более высокие удои и жирномолочность у коров чёрно-пёстрой породы [13]. При этом Ф. Ф. Зиннатов с коллегами (2020) в опытах на коровах голштинской породы регистрировали наибольший удой, содержание жира и белка в молоке у носительниц генотипа ТТ [13].

Крайне интересные результаты, свидетельствующие о возрастной динамике влияния полиморфизма гена тиреоглобулина на молочную продуктивность коров, получены Ю. Р. Юльметьевой и Ш. К. Шакировым (2020) на животных холмогорской породы. Выяснилось, что в первую лактацию наиболее высоким удоём отличались носительницы генотипа ТТ, но в дальнейшем, напротив, более обильномолочными были гетерозиготные и гомозиготные носительницы аллеля С, что указывает на влияние полиморфизма TGC422T на продуктивное долголетие коров [1]. Сходные результаты были получены К. Д. Сабетовой и коллегами (2024) на выборках коров костромской и чёрно-пёстрой пород – наиболь-

шей жирно- и белкомолочностью отличались гетерозиготные животные, а в отдельных случаях по удою наибольшие показатели регистрировались у коров третьей лактации с генотипом СС [14].

Таким образом, в литературе представлено множество современных свидетельств однозначного влияния полиморфизма гена тиреоглобулина на признаки как мясной, так и молочной продуктивности крупного рогатого скота. Поэтому изучение перспектив использования данного ДНК-маркера при комбинированной селекции на улучшение мясных и молочных качеств скота остаётся целесообразным.

Ген орфанного рецептора С ретиноевой кислоты (RORC)

Ген RORC (орфанного рецептора С, связанного с рецептором ретиноевой кислоты) кодирует белок RORγ – ДНК-связывающий транскрипционный фактор, локализованный в ядерной мембране. Этот белок играет важную роль в регуляции экспрессии генов, связанных с воспалительными процессами, и участвует в развитии различных иммунопосредованных заболеваний путём контроля выработки цитокинов семейства IL-17 [15]. Кроме того, RORC регулирует циркадные ритмы и может быть связан с развитием некоторых видов рака [16].

Ген RORC расположен на хромосоме 3 крупного рогатого скота и состоит из 15 экзонов, 14 интронов, а также 5'- и 3'-нетранслируемых регионов\*\*\*. Согласно информации из биоинформационной базы данных Ensembl, в настоящее время в области гена RORC локализовано 9021 мутации, из которых 854 полиморфизма, непосредственно влияющих на первичную структуру продукта трансляции гена (миссенс-мутации, сдвиги рамки чтения, стоп-кодона, различные варианты альтернативного сплайсинга)\*\*\*\*.

Ген RORC активно используется в маркер-ассоциированной селекции (MAS) как молекулярный маркер для отбора животных с повышенной устойчивостью к заболеваниям и улучшенными адаптивными характеристиками, что способствует повышению иммунитета и продуктивности стада. Современные методы ДНК-тестирования позволяют выявлять благоприятные аллели гена RORC, что особенно важно для пород, разводимых в условиях повышенного риска инфекционных заболеваний или стрессовых факторов окружающей среды, обеспечивая более эффективную селекцию и улучшение здоровья поголовья [17]. При этом большинство исследований генома крупного рогатого скота в области гена RORC сосредоточены на мутациях g.3290T>G и g.3984A>G, связанных с содержанием внутримышечного жира, показателем «мраморности» мяса, а также с толщиной подкожной клетчатки [18].

\*\*\* RORC RAR related orphan receptor C [Bos taurus (domestic cattle)] – Gene – NCBI. URL: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/527470/> (date of access: 07.08.2025).

\*\*\*\* Gene: RORC (ENSBTAG00000017405) – Variant table – Bos\_taurus – Ensembl genome browser 114. URL: [https://www.ensembl.org/Bos\\_taurus/Gene/Variation\\_Gene/Table?db=core;g=ENSBTAG00000017405;r=3:18953039-18980401](https://www.ensembl.org/Bos_taurus/Gene/Variation_Gene/Table?db=core;g=ENSBTAG00000017405;r=3:18953039-18980401) (date of access: 07.08.2025).

Таблица 2 – Частоты аллелей и генотипов гена RORC в различных породах крупного рогатого скота

Порода/Локус	Генотип			Аллель		Литературный источник
	ТТ	TG	GG	Т	G	
RORC g.3290T>G						
Абердин-ангусская	–	–	–	0,430	0,570	Barendse et al., 2010 [19]
Геррефордская	–	–	–	0,910	0,090	Barendse et al., 2010 [19]
Брахман	–	–	–	0,360	0,640	Barendse et al., 2010 [19]
Красный горный скот	53,8	39,3	6,9	0,735	0,265	Halli et al., 2024 [8]
RORC g.3984A>G						
Костромская	72,9	27,1	0,0	0,865	0,135	Лазебная и др., 2022 [17]
Абердин-ангусская	47,4	45,8	6,8	0,703	0,297	Gorlov et al., 2017 [20]
Русская комолая	61,6	31,7	6,7	0,775	0,225	Gorlov et al., 2017 [20]

Литературные данные по частоте встречаемости генотипов и аллелей гена RORC в различных породах крупного рогатого скота представлены в таблице 2.

Анализ литературных данных (табл. 2) показывает, что преобладание аллеля G локуса RORC g.3290T>G более характерно для индийского скота (*Bos Taurus indicus*), а для тауринового скота (*Bos Taurus taurus*) – повышенная концентрация аллеля Т (за исключением абердин-ангусской породы). По локусу RORC g.3984A>G разброс частот аллелей между популяциями разных пород не столь выражен, причём для молочно-мясной костромской породы характерна более высокая частота аллеля А (0,865), чем для специализированных мясных пород (0,703–0,775) [17; 20].

Большинство исследователей связывают ген RORC с признаками мясной продуктивности, в частности с «мраморностью» мяса и содержанием внутримышечного жира. Так, W. Barendse в своих исследованиях с коллегами (2010) показал, что полиморфизм g.3290T>G гена RORC у мясных пород скота (геррефорд, абердин-ангус, брахман) значимо ассоциирован с содержанием внутримышечного жира [19]. Последующие исследования С. Avilés и коллег (2013) позволили определить генотип данного локуса, ассоциированный с наибольшим содержанием внутримышечного жира у испанского кроссбредного мясного скота – ТТ [21]. Однако в недавних исследованиях К. Halli, S. König, I. Giambra (2024), проведённых на животных красной горной породы комбинированного направления продуктивности, установлено, что наибольшим средним содержанием внутримышечного типа обладали носители генотипа GG [8].

Таким образом, ген орфанного рецептора С ретиновой кислоты представлен в литературе как маркер,

связанный с нежностью и «мраморностью» мяса. При этом его воздействие на признаки молочной продуктивности практически не изучено, однако в силу вовлечённости данного гена в функционирование иммунной системы подобное влияние может иметь место. Поэтому изучение данного локуса в качестве ДНК-маркера для селекции на улучшение признаков мясной и молочной продуктивности крупного рогатого скота является актуальным.

Ген стеарол-КоА-десатуразы (SCD1)

Ген стеарол-КоА-десатуразы (SCD1) играет ключевую роль в формировании продуктивных признаков крупного рогатого скота, влияя на состав жирных кислот молока и мяса, а также на живую массу животных. Этот ген, расположенный на хромосоме 26, состоит из шести экзонов и кодирует белок из 359 аминокислот\*\*\*\*.

Ген стеарол-КоА-десатуразы кодирует фермент, катализирующий превращение насыщенных жирных кислот в моновенасыщенные, что напрямую влияет на пищевую ценность и технологические свойства молочного жира. Данный фермент, в частности, преобразует стеариновую и вакценовую кислоты в олеиновую и конъюгированную линолевую кислоты. До 90% конъюгированной линолевой кислоты коровьего молока образуется благодаря действию этого фермента [22].

Согласно сведениям из биоинформатической базы Ensembl, на данный момент известно 1513 полиморфизмов, локализованных в регионе гена SCD1, в том числе 85 мутаций, непосредственно влияющих на первичную структуру производного белка (миссенс-мутации, сдви-

\*\*\*\* SCD stearyl-CoA desaturase [*Bos taurus* (domestic cattle)] – Gene – NCBI. URL: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/280924/> (date of access: 07.08.2025).

Таблица 3 – Частота встречаемости генотипов и аллелей гена SCD1 по локусу T878C (A293V)

Порода	Генотип			Аллель		Литературный источник
	СС	СТ	ТТ	С	Т	
Японская чёрная	39,6	46,4	14,0	0,628	0,372	Kawaguchi et al., 2020 [23]
Голштинская	24,0	70,2	5,8	0,591	0,409	Зиннатов и др., 2022 [3]
Голштинская	39,1	60,9	0,0	0,696	0,304	Лейбова, Позовникова, 2021 [24]
Симментальская	13,9	61,1	25,0	0,444	0,556	Ardicli et al., 2023 [5]

ги рамки чтения, стоп-кодона, различные варианты альтернативного сплайсинга гена)\*\*\*\*\*.

Среди выявленных однонуклеотидных полиморфизмов (SNP) наиболее изученным является T878C (rs41255693). Результаты актуальных исследований показывают, что в различных породах крупного рогатого скота частота генотипов и аллелей по данному локусу несколько различаются (табл. 3).

Литературные данные в таблице 3 показывают, что в большинстве исследованных популяций скота преобладает аллель С (0,578–0,696), причём распределение генотипов в большей части случаев характеризуется высокой долей гетерозиготных животных (46,4–70,2%).

Поскольку ген SCD1 участвует в биохимических процессах липидного обмена, предполагается его существенное влияние на продуктивные качества животных как молочного, так и мясного направления. В частности, носители определённых генотипов по полиморфизму T878C в гене SCD имеют более высокий уровень мононенасыщенных жирных кислот, что связано с улучшением показателей живой массы и продуктивности [25]. В мясных породах, например у калмыцкой, полиморфизм T878C связан с живой массой бычков: гетерозиготы ТС демонстрируют более высокие показатели по сравнению с гомозиготами ТТ и СС, достигая разницы до 17% [24]. По данным Н. Ю. Сафиной и соавторов (2018), коровы-носительницы генотипа ТТ демонстрируют более высокую живую массу и энергию роста по сравнению с животными других генотипов [26]. Аналогичные данные получены Х. А. Амерхановым и соавторами (2023) в исследовании калмыцкой мясной породы, где гетерозиготный генотип SCD1 878<sup>CT</sup> связан с более высокой живой массой бычков по сравнению с гомозиготными вариантами ТТ и СС [25].

Влияние полиморфизма T878C в гене SCD на послеубойные качества симментальского скота китайской селекции – массу и длину туши, толщину подкожного жира, площадь мышечного глазка, pH и показатель «мраморности» мяса было установлено R. Liu с коллегами [27].

Вместе с тем ряд исследователей обнаружили ассоциативную связь полиморфизма гена стеарол-КоА-десатуразы с признаками молочной продуктивности крупного рогатого скота. Так, М. В. Позовниковой и соавторами (2017) было установлено, что в изученной выборке коров генотипы SCD<sup>CC</sup> и SCD<sup>CT</sup> являлись наиболее распространёнными и достоверно превосходили генотип ТТ по таким показателям, как пожизненная продуктивность по удою за 305 дней лактации, выходу молочного жира и

белка [28]. При этом в исследованиях R. Liu с коллегами (2024) наибольший удой среди коров голштинской породы отмечался у носительниц генотипа ТТ, однако эти же животные характеризовались наименьшим содержанием жира в молоке [27].

Влияние полиморфизма SCD1 T878C на белки молока было обнаружено А. Сеччинато с соавторами (2012), причём коровы бурой швицкой породы с генотипом СС отличались меньшим содержанием белка и казеина в молоке, а также наихудшей его сычужной свертываемостью по сравнению со сверстницами [29]. О. Г. Зариповым (2024) также отмечается существенное влияние данного локуса на содержание белка и ненасыщенных жирных кислот в молоке, что влияет на его пищевую и технологическую ценность [30].

Таким образом, полиморфизм гена стеарол-КоА-десатуразы в популяциях крупного рогатого скота оказывает значимое влияние на продуктивные качества животных, включая живую массу и состав жирных кислот, и может использоваться в качестве маркера в селекции для повышения племенной ценности скота.

**Выводы.** Рассмотренные в данной статье гены тиреоглобулина, рецептора С ретиноевой кислоты и стеарол-КоА-десатуразы, по имеющимся литературным данным, оказывают воздействие на признаки как мясной, так и молочной продуктивности крупного рогатого скота. Так, локус TG C422T в гене тиреоглобулина, по многочисленным литературным данным, влияет на жирнокислотный состав мышечной ткани и общее содержание жира в ней, а также на удой и жирность молока коров. При этом в настоящее время в научной литературе не представлено данных о наличии связи полиморфизмов g.3290T>G и g.3984A>G, локализованных в области гена рецептора С ретиноевой кислоты, с признаками молочной продуктивности коров, но, исходя из имеющихся знаний об обменных путях, в которые вовлечён данный ген, наличие такой связи возможно. Кроме того, исследователи отмечают перспективный генетический маркер SCD T878C (rs41255693), ассоциированный с повышением интенсивности роста живой массы молодняка, площади «мышечного глазка», толщины подкожного жира, «мраморности» и жирнокислотного состава мяса, а также удою, жирности, белковости, жирнокислотного состава молока и показателей пожизненной молочной продуктивности. Поэтому изучение комплексного действия указанных локусов на продуктивные признаки скота является целесообразным как с теоретической, так и с практической точки зрения.

В следующей статье из данного цикла будут рассмотрены гены гормона роста (GH) и миостатина (MSTN) с учётом их влияния на признаки мясной и молочной продуктивности крупного рогатого скота.

\*\*\*\*\* Gene: SCD (ENSBTAG00000055207) – Variant table – Bos\_taurus – Ensembl genome browser 114. URL: [https://www.ensembl.org/Bos\\_taurus/Gene/Variation\\_Gene/Table?db=core;g=ENSBTAG00000055207;r=26:21263705-21279182;t=ENSBTAG00000078682](https://www.ensembl.org/Bos_taurus/Gene/Variation_Gene/Table?db=core;g=ENSBTAG00000055207;r=26:21263705-21279182;t=ENSBTAG00000078682) (date of access: 07.08.2025).

#### Список источников

1. Юльметьева Ю. Р., Шакиров Ш. К. Ассоциативные связи гена тиреоглобулина с продуктивным долголетием молочного скота // Молочное и мясное скотоводство. 2020. № 1. С. 14–19. DOI 10.33943/MMS.2020.65.47.004. EDN QYNAKG.
2. Mercken L, Simons M. J., Swillens S. [et al.] Primary structure of bovine thyroglobulin deduced from the sequence of its 8,431-base complementary DNA // Nature. 1985. Vol. 316 (6029). P. 647–651. DOI 10.1038/316647a0.
3. Зиннатов Ф. Ф., Якупов Т. Р., Зиннатова Ф. Ф. [и др.] Взаимосвязь генов LEP, TG5 и SCD1 с жирномолочностью коров // Ученые записки Казанской государственной академии ветеринарной медицины им. Н. Э. Баумана. 2022. Т. 250, № 2. С. 85–92. DOI 10.31588/2413\_4201\_1883\_2\_250\_85. EDN EHHTTR.

4. Лемякин А. Д., Сабетова К. Д., Чаицкий А. А. [и др.] Исследование полиморфизма гена тиреоглобулина у коров костромской и черно-пестрой пород Костромской области // *Аграрная наука*. 2024. № 1. С. 52–59. DOI 10.32634/0869-8155-2024-378-1-52-59. EDN CWNMTF.
5. Ardici S., Dincel D., Samli H. [et al.] Association of polymorphisms in lipid and energy metabolism-related genes with fattening performance in Simmental cattle // *Animal Biotechnology*. 2023. Vol. 34, Is. 8. P. 3428–3440. DOI 10.1080/10495398.2022.2152557.
6. Dzhulamanov K. M., Gerasimov N. P. Effects of GH L127V and TG5 C422T polymorphisms on the hormonal profile, slaughter traits, and meat quality of Hereford bulls // *Veterinary World*. 2024. Vol. 17, № 8. P. 1920–1927. DOI 10.14202/vetworld.2024.1920-1927.
7. Чижова Л. Н., Суржикова Е. С., Михайленко Т. Н. Оценка генетического профиля молодняка крупного рогатого скота мясных пород на основе ДНК-диагностики по генам CAPN1, GH, TG, LEP // *Вестник Курской государственной сельскохозяйственной академии*. 2020. № 5. С. 159–165. EDN DFYCKW.
8. Halli K., König S., Giambra I. J. Association study between SNP markers located in meat quality candidate genes with intramuscular fat content in an endangered dual-purpose cattle population // *Translational Animal Science*. 2024. Vol. 8. Тхae066. DOI 10.1093/tas/txae066.
9. Седых Т. А., Калашникова Л. А., Гизатуллин Р. С., Косилов В. И. Качество туш мясного скота различных генотипов по гену тиреоглобулина (TG5) // *Зоотехния*. 2020. № 7. С. 4–8. DOI 10.25708/ZT.2020.98.58.002. EDN ETZLQU.
10. Ганджа А. И., Курак О. П., Журин Н. В. [и др.] Влияние полиморфизма генов LEP, TG5 и DGAT1 на убойные качества бычков мясных пород // *Научное обеспечение животноводства Сибири : материалы IV Международ. науч.-практ. конф.и, Красноярск, 14–15 мая 2020 года*. Красноярск : Красноярский научно-исследовательский институт животноводства – обособленное подразделение ФГБНУ Федеральный исследовательский центр «Красноярский научный центр Сибирского отделения Российской академии наук», 2020. С. 154–158. EDN SSCUXK.
11. Гончаренко Г. М., Гришина Н. Б., Хорошилова Т. С. [и др.] Генетическая структура казахской белоголовой породы крупного рогатого скота по генам молочных белков и гормонов и их связь с энергией роста молодняка // *Достижения науки и техники АПК*. 2020. Т. 34, № 5. С. 61–64. DOI 10.24411/0235-2451-2020-10512. EDN NVPVUP.
12. Сычева И. Н., Быстренина И. Е., Ивашова О. Н. [и др.] Жирнокислотный профиль мышечной ткани симментальских бычков разных генотипов по генам TG5 и LEP // *Труды Кубанского государственного аграрного университета*. 2023. № 104. С. 153–158. DOI 10.21515/1999-1703-104-153-158. EDN VVEOUF.
13. Зиннатов Ф. Ф., Хайруллин Д. Д., Зиннатова Ф. Ф. [и др.] ПЦР-ПДРФ анализ в идентификации взаимосвязи гена тиреоглобулина (TG5) с молочной продуктивностью КРС // *Физико-химическая биология как основа современной медицины : тезисы докладов участников Республиканской конф. с международ. уч., посвящ. 80-летию со дня рождения Т. С. Морозкиной, Минск, 29 мая 2020 года / под ред. А. Д. Тагановича, В. В. Хрусталёва, Т. А. Хрусталёвой*. Минск : Белорусский государственный медицинский университет, 2020. С. 60–62. EDN HYGDIR.
14. Сабетова К. Д., Чаицкий А. А., Лемякин А. Д., Щеголев П. О. Продуктивные признаки коров чёрно-пестрой породы с разными комплексными генотипами по генам GH и TG в условиях племрепродукторов Костромской области // *Вестник АПК Верхневолжья*. 2023. № 3 (63). С. 49–59. DOI 10.35694/YARCX.2023.63.3.006. EDN RMVSIM.
15. Hirose T., Smith R. J., Jetten A. M. ROR gamma: the third member of ROR/RZR orphan receptor subfamily that is highly expressed in skeletal muscle // *Biochemical and Biophysical Research Communications*. 1994. Vol. 205, Is. 3. P. 1976–1983. DOI 10.1006/bbrc.1994.2902.
16. Jetten A. M. Retinoid-related orphan receptors (RORs): critical roles in development, immunity, circadian rhythm, and cellular metabolism // *Nuclear Receptor Signaling*. 2009. Vol. 7. e003. DOI 10.1621/nrs.07003.
17. 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. Т. 142, № 5. С. 463–476. DOI 10.31857/S0042132422050088. EDN HHGUHV.
18. Barendse W., Bunch R. J., Kijas J. W., Thomas M. B. The effect of Genetic Variation of the Retinoic Acid Receptor-Related Orphan Receptor C Gene on Fatness in Cattle // *Genetics*. 2007. Vol. 175, Is. 2. P. 843–853. DOI 10.1534/genetics.106.064535.
19. Barendse W., Bunch R. J., Harrison B. E. The effect of variation at the retinoic acid receptor-related orphan receptor C gene on intramuscular fat percent and marbling score in Australian cattle // *Journal of Animal Science*. 2010. Vol. 88, Is. 1. P. 47–51. DOI 10.2527/jas.2009-2178.
20. Gorlov I., Sulimova G., Perchun A., Slozhenkina M. Genetic polymorphism of the *RORC*, *BGH*, *BGHR*, *LEP*, *LEPR* genes in Russian hornless cattle breed // *16th International Conference Engineering for Rural Development*. Jelgava, 2017. Vol. 16. P. 201–206. ISSN 1691-5976. DOI 10.22616/ERDev2017.16.N038.
21. Avilés C., Polvillo O., Juárez M. [et al.] Associations between DGAT1, FABP4, LEP, RORC, and SCD1 gene polymorphisms and fat deposition in Spanish commercial beef // *Journal of Animal Science*. 2013. Vol. 91, Is. 10. P. 4571–4577. DOI 10.2527/jas.2013-6402.
22. Keating A. F., Kennelly J. J., Zhao F.-Q. Characterization and regulation of the bovine stearoyl-CoA desaturase gene promoter // *Biochemical and Biophysical Research Communications*. 2006. Vol. 344, Is. 1. P. 233–240. DOI 10.1016/j.bbrc.2006.03.133.
23. Kawaguchi F., Tsuchimura M., Oyama K. [et al.] Effect of DNA markers on the fertility traits of Japanese Black cattle for improving beef quantity and quality // *Archives Animal Breeding*. 2020. Vol. 63, Is. 1. P. 9–17. DOI 10.5194/aab-63-9-2020.
24. Лейбова В. Б., Позовникова М. В. Биохимический статус коров сухостойного периода в связи с полиморфными вариантами гена SCD1 и репродуктивным потенциалом // *Известия Тимирязевской сельскохозяйственной академии*. 2021. № 1. С. 78–86. DOI 10.26897/0021-342X-2021-1-78-86. EDN SGZMNU.
25. Амерханов Х. А., Клименко А. И., Шевхужев А. Ф. [и др.] Полиморфизм генов SCD и FABP4 у мясного скота калмыцкой породы // *Молочное и мясное скотоводство*. 2023. № 4. С. 9–13. DOI 10.33943/MMS.2023.69.77.002. EDN TWLYIW.
26. Сафина Н. Ю., Шакиров Ш. К., Ахметов Т. М., Юльметьева Ю. Р. Мониторинг полиморфных вариантов гена Стерил-КоА Десатуразы (SCD1) крупного рогатого скота в зависимости от направления продуктивности // *Ученые записки Казанской государственной академии ветеринарной медицины им. Н. Э. Баумана*. 2018. Т. 233, № 1. С. 136–140. EDN YTJSDH.
27. Liu R., Fang X., Lu X. [et al.] Polymorphisms of the *SCD1* Gene and Its Association Analysis with Carcass, Meat Quality, Adipogenic Traits, Fatty Acid Composition, and Milk Production Traits in Cattle // *Animals*. 2024. Vol. 14, Is. 12. P. 1759. DOI 10.3390/ani14121759.
28. Позовникова М. В., Сердюк Г. Н., Тулинова О. В. [и др.] Связь полиморфных вариантов гена стеариол-КоА-десатуразы (SCD1) с хозяйственно ценными признаками в российской популяции коров айрширской породы // *Сельскохозяйственная биология*. 2017. Т. 52, № 6. С. 1139–1147. DOI 10.15389/agrobiol.2017.6.1139rus. EDN VTCHL.

29. Cecchinato A., Ribeca C., Maurmayr A. [et al.] Short communication: Effects of  $\beta$ -lactoglobulin, stearoyl-coenzyme A desaturase 1, and sterol regulatory element binding protein gene allelic variants on milk production, composition, acidity, and coagulation properties of Brown Swiss cows // *Journal of Dairy Science*. 2012. Vol. 95, Is. 1. P. 450–454. DOI 10.3168/jds.2011-4581.
30. Зарипов О. Г. Оценка генетического разнообразия генов казеиновых белков и генов липидного обмена у коров симментальской породы // *Journal of Agriculture and Environment*. 2024. № 10 (50). С. 8. DOI 10.60797/JAE.2024.50.6. EDN LKRHVVG.

#### References

1. Yul'met'eva Yu. R., Shakirov Sh. K. Associativnye svyazi gena tireoglobulina s produktivnym dolgoletiem molochного skota // *Molochnoe i myasnoe skotovodstvo*. 2020. № 1. S. 14–19. DOI 10.33943/MMS.2020.65.47.004. EDN QYNAKG.
2. Mercken L, Simons M. J., Swillens S. [et al.] Primary structure of bovine thyroglobulin deduced from the sequence of its 8,431-base complementary DNA // *Nature*. 1985. Vol. 316 (6029). P. 647–651. DOI 10.1038/316647a0.
3. Zinnatov F. F., Yakupov T. R., Zinnatova F. F. [i dr.] Vzaimosvyaz' genov LEP, TG5 i SCD1 s zhirmolochnost'yu korov // *Uchenye zapiski Kazanskoy gosudarstvennoy akademii veterinarnoy mediciny im. N. E. Baumana*. 2022. T. 250, № 2. S. 85–92. DOI 10.31588/2413\_4201\_1883\_2\_250\_85. EDN EHHTRR.
4. Lemyakin A. D., Sabetova K. D., Chaitiskij A. A. [i dr.] Issledovanie polimorfizma gena tireoglobulina u korov kostromskoy i cherno-pestroj porod Kostromskoy oblasti // *Agrarnaya nauka*. 2024. № 1. S. 52–59. DOI 10.32634/0869-8155-2024-378-1-52-59. EDN CWNMTF.
5. Ardici S., Dincel D., Samli H. [et al.] Association of polymorphisms in lipid and energy metabolism-related genes with fattening performance in Simmental cattle // *Animal Biotechnology*. 2023. Vol. 34, Is. 8. P. 3428–3440. DOI 10.1080/10495398.2022.2152557.
6. Dzhulamanov K. M., Gerasimov N. P. Effects of GH L127V and TG5 C422T polymorphisms on the hormonal profile, slaughter traits, and meat quality of Hereford bulls // *Veterinary World*. 2024. Vol. 17, № 8. P. 1920–1927. DOI 10.14202/vetworld.2024.1920-1927.
7. Chizhova L. N., Surzhikova E. S., Mikhajlenko T. N. Ocenka geneticheskogo profilya molodnyaka krupного rogatого skota myasnyh porod na osnove DNK-diagnosticski po genam CAPN1, GH, TG, LEP // *Vestnik Kurskoj gosudarstvennoy sel'skohozyajstvennoy akademii*. 2020. № 5. S. 159–165. EDN DFYCKW.
8. Halli K., König S., Giambra I. J. Association study between SNP markers located in meat quality candidate genes with intramuscular fat content in an endangered dual-purpose cattle population // *Translational Animal Science*. 2024. Vol. 8. Txae066. DOI 10.1093/tas/txae066.
9. Sedykh T. A., Kalashnikova L. A., Gizatullin R. S., Kosilov V. I. Kachestvo tush myasnogo skota razlichnyh genotipov po genu tireoglobulina (TG5) // *Zootekhnika*. 2020. № 7. S. 4–8. DOI 10.25708/ZT.2020.98.58.002. EDN ETZLQU.
10. Gandzha A. I., Kurak O. P., Zhurina N. V. [i dr.] Vliyanie polimorfizma genov LEP, TG5 i DGAT1 na ubojnye kachestva bychkov myasnyh porod // *Nauchnoe obespechenie zhivotnovodstva Sibiri : materialy IV Mezhdunarod. nauch.-prakt. konf.i, Krasnoyarsk, 14–15 maya 2020 goda*. Krasnoyarsk : Krasnoyarskij nauchno-issledovatel'skij institut zhivotnovodstva – obosoblennoe podrazdelenie FGBNU Federal'nyj issledovatel'skij centr «Krasnoyarskij nauchnyj centr Sibirskogo otdeleniya Rossijskoj akademii nauk», 2020. S. 154–158. EDN SSCUXK.
11. Goncharenko G. M., Grishina N. B., Khoroshilova T. S. [i dr.] Geneticheskaya struktura kazahskoy belogolovoj porody krupного rogatого skota po genam molochnyh belkov i gormonov i ih svyaz' s energiej rosta molodnyaka // *Dostizheniya nauki i tekhniki APK*. 2020. T. 34, № 5. S. 61–64. DOI 10.24411/0235-2451-2020-10512. EDN NVPVUP.
12. Sycheva I. N., Bystrenina I. E., Ivashova O. N. [i dr.] Zhirnokislotnyj profil' myshechnoj tkani simmental'skih bychkov raznyh genotipov po genam TG5 i LEP // *Trudy Kubanskogo gosudarstvennogo agrarnogo universiteta*. 2023. № 104. S. 153–158. DOI 10.21515/1999-1703-104-153-158. EDN BVEOUF.
13. Zinnatov F. F., Khajrullin D. D., Zinnatova F. F. [i dr.] PCR-PDRF analiz v identifikacii vzaimosvyazi gena tireoglobulina (TG5) s molochnoy produktivnost'yu KRS // *Fiziko-himicheskaya biologiya kak osnova sovremennoj mediciny : tezisy dokladov uchastnikov Respublikanskoj konf. s mezhdunarod. uch., posvyashch. 80-letiyu so dnya rozhdeniya T. S. Morozkinoy, Minsk, 29 maya 2020 goda / pod red. A. D. Taganovicha, V. V. Khrustaleva, T. A. Khrustalevoj*. Minsk : Belorusskij gosudarstvennyj medicinskij universitet, 2020. S. 60–62. EDN HYGDR1.
14. Sabetova K. D., Chaitiskij A. A., Lemyakin A. D., Shchegolev P. O. Produktivnye priznaki korov chorno-pyostroj porody s raznymi kompleksnymi genotipami po genam GH i TG v usloviyah plemreproduktorov Kostromskoy oblasti // *Vestnik APK Verhnevolzh'ya*. 2023. № 3 (63). S. 49–59. DOI 10.35694/YARCX.2023.63.3.006. EDN RMVSM.
15. Hirose T., Smith R. J., Jetten A. M. ROR gamma: the third member of ROR/RZR orphan receptor subfamily that is highly expressed in skeletal muscle // *Biochemical and Biophysical Research Communications*. 1994. Vol. 205, Is. 3. P. 1976–1983. DOI 10.1006/bbrc.1994.2902.
16. Jetten A. M. Retinoid-related orphan receptors (RORs): critical roles in development, immunity, circadian rhythm, and cellular metabolism // *Nuclear Receptor Signaling*. 2009. Vol. 7. e003. DOI 10.1621/nrs.07003.
17. Lazebnaya I. V., Perchun A. V., Lazebnyj O. E. Vnutriporodnaya differenciaciya aborigennoj kostromskoy porody krupного rogatого skota na osnove SNP-markerov myasnoj produktivnosti // *Uspekhi sovremennoj biologii*. 2022. T. 142, № 5. S. 463–476. DOI 10.31857/S0042132422050088. EDN HHGUHV.
18. Barendse W., Bunch R. J., Kijas J. W., Thomas M. B. The effect of Genetic Variation of the Retinoic Acid Receptor-Related Orphan Receptor C Gene on Fatness in Cattle // *Genetics*. 2007. Vol. 175, Is. 2. P. 843–853. DOI 10.1534/genetics.106.064535.
19. Barendse W., Bunch R. J., Harrison B. E. The effect of variation at the retinoic acid receptor-related orphan receptor C gene on intramuscular fat percent and marbling score in Australian cattle // *Journal of Animal Science*. 2010. Vol. 88, Is. 1. P. 47–51. DOI 10.2527/jas.2009-2178.
20. Gorlov I., Sulimova G., Perchun A., Slozhenkina M. Genetic polymorphism of the *RORC*, *BGH*, *BGHR*, *LEP*, *LEPR* genes in Russian hornless cattle breed // *16th International Conference Engineering for Rural Development*. Jelgava, 2017. Vol. 16. P. 201–206. ISSN 1691-5976. DOI 10.22616/ERDev2017.16.N038.
21. Avilés C., Polvillo O., Juárez M. [et al.] Associations between DGAT1, FABP4, LEP, RORC, and SCD1 gene polymorphisms and fat deposition in Spanish commercial beef // *Journal of Animal Science*. 2013. Vol. 91, Is. 10. P. 4571–4577. DOI 10.2527/jas.2013-6402.
22. Keating A. F., Kennelly J. J., Zhao F.-Q. Characterization and regulation of the bovine stearoyl-CoA desaturase gene promoter // *Biochemical and Biophysical Research Communications*. 2006. Vol. 344, Is. 1. P. 233–240. DOI 10.1016/j.bbrc.2006.03.133.

23. Kawaguchi F., Tsuchimura M., Oyama K. [et al.] Effect of DNA markers on the fertility traits of Japanese Black cattle for improving beef quantity and quality // Archives Animal Breeding. 2020. Vol. 63, Is. 1. P. 9–17. DOI 10.5194/aab-63-9-2020.
24. Lejbova V. B., Pozovnikova M. V. Biohimicheskiy status korov suhostojnogo perioda v svyazi s polimorfnyimi variantami gena SCD1 i reproduktivnym potencialom // Izvestiya Timiryazevskoy sel'skhozaystvennoj akademii. 2021. № 1. S. 78–86. DOI 10.26897/0021-342X-2021-1-78-86. EDN SGZMNU.
25. Amerkhanov Kh. A., Klimenko A. I., Shevkhuzhev A. F. [i dr.] Polimorfizm genov SCD i FABP4 u myasnogo skota kalmyckoy porody // Molochnoe i myasnoe skotovodstvo. 2023. № 4. S. 9–13. DOI 10.33943/MMS.2023.69.77.002. EDN TWLYIW.
26. Safina N. Yu., Shakirov Sh. K., Akhmetov T. M., Yul'met'eva Yu. R. Monitoring polimorfnykh variantov gena Stearil-KoA Desaturazy (SCD1) krupnogo rogatogo skota v zavisimosti ot napravleniya produktivnosti // Uchenye zapiski Kazanskoy gosudarstvennoj akademii veterinarnoy mediciny im. N. E. Baumana. 2018. T. 233, № 1. S. 136–140. EDN YTJSDH.
27. Liu R., Fang X., Lu X. [et al.] Polymorphisms of the *SCD1* Gene and Its Association Analysis with Carcass, Meat Quality, Adipogenic Traits, Fatty Acid Composition, and Milk Production Traits in Cattle // Animals. 2024. Vol. 14, Is. 12. P. 1759. DOI 10.3390/ani14121759.
28. Pozovnikova M. V., Serdyuk G. N., Tulinova O. V. [i dr.] Svyaz' polimorfnykh variantov gena stearoil-KoA-desaturaza (SCD1) s hozaystvenno cennymi priznakami v rossijskoy populyacii korov ajrshirskoy porody // Sel'skhozaystvennaya biologiya. 2017. T. 52, № 6. S. 1139–1147. DOI 10.15389/agrobiology.2017.6.1139rus. EDN VTCHEL.
29. Cecchinato A., Ribeca C., Maurmayr A. [et al.] Short communication: Effects of  $\beta$ -lactoglobulin, stearyl-coenzyme A desaturase 1, and sterol regulatory element binding protein gene allelic variants on milk production, composition, acidity, and coagulation properties of Brown Swiss cows // Journal of Dairy Science. 2012. Vol. 95, Is. 1. P. 450–454. DOI 10.3168/jds.2011-4581.
30. Zaripov O. G. Ocenka geneticheskogo raznoobraziya genov kazeinovykh belkov i genov lipidnogo obmena u korov simmental'skoy porody // Journal of Agriculture and Environment. 2024. № 10 (50). S. 8. DOI 10.60797/JAE.2024.50.6. EDN LKRHVG.

#### Информация об авторах

**Павел Олегович Щеголев** – кандидат сельскохозяйственных наук, селекционер-зоотехник Регионального информационно-селекционного центра, Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Костромская государственная сельскохозяйственная академия», spin-код: 4842-8345.

**Алексей Александрович Чаицкий** – кандидат биологических наук, преподаватель кафедры частной зоотехнии, разведения и генетики, заведующий лабораторией генетики и ДНК-технологий, Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Костромская государственная сельскохозяйственная академия», spin-код: 3284-3654.

**Ксения Дмитриевна Чаицкая** – кандидат ветеринарных наук, доцент кафедры внутренних незаразных болезней, хирургии и акушерства, Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Костромская государственная сельскохозяйственная академия», spin-код: 6120-9223.

**Виктория Алексеевна Дуркина** – обучающаяся факультета ветеринарной медицины и зоотехнии, лаборант лаборатории генетики и ДНК-технологий, Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Костромская государственная сельскохозяйственная академия», spin-код: 6693-6977.

#### Information about the authors

**Pavel O. Schiogolev** – Candidate of Agricultural Sciences, breeder-zootechnician of the Regional Information and Breeding Center, Federal State Budgetary Educational Institution of Higher Education "Kostroma State Agricultural Academy", spin-code: 4842-8345.

**Aleksey A. Chaitskiy** – Candidate of Biological Sciences, lecturer of the Department of Private Animal Science, Breeding and Genetics, Head of the Laboratory of Genetics and DNA Technologies, Federal State Budgetary Educational Institution of Higher Education "Kostroma State Agricultural Academy", spin-code: 3284-3654.

**Kseniya D. Chaickaya** – Candidate of Veterinary Sciences, Associate Professor of the Department of Internal Non-contagious Diseases, Surgery and Obstetrics, Federal State Budgetary Educational Institution of Higher Education "Kostroma State Agricultural Academy", spin-code: 6120-9223.

**Victoriya A. Durkina** – student of the Faculty of Veterinary Medicine and Zootechnics, laboratory assistant of the Laboratory of Genetics and DNA Technologies, Federal State Budgetary Educational Institution of Higher Education "Kostroma State Agricultural Academy", spin-code: 6693-6977.

**Конфликт интересов.** Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

**Conflict of interest.** The authors declare no conflict of interest.