

Полиморфизм аллельных вариантов генов белков молока у ярославской породы крупного рогатого скота

Анна Владимировна Ильина, Марина Владимировна Абрамова, Евгений Георгиевич Евдокимов

Ярославский научно-исследовательский институт животноводства и кормопроизводства – филиал Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный научный центр кормопроизводства и агроэкологии имени В.Р. Вильямса», Ярославская область, пос. Михайловский, Россия, e-mail: annabilina@yandex.ru

Аннотация. Изучен полиморфизм аллельных вариантов генов молочной продуктивности (альфа-лактоглобулин, бета-казеин, каппа-казеин, пролактин, соматотропин) у крупного рогатого скота ярославской породы в совокупности с оценкой генетического разнообразия изучаемой популяции. Определено распределение частот встречаемости генотипов в генах исследуемых стад (0,1...0,716049). На основании расчетов средних значений индексов генетического разнообразия рассчитано эффективное число аллелей (1,679...1,994), информационный индекс Шеннона (0,594...0,692), наблюдаемая гетерозиготность (0,087...0,716), ожидаемая гетерозиготность (0,404...0,498), индекс фиксации (–0,498...0,823). Коэффициент инбридинга субпопуляций в изучаемых генах относительно всей популяции указывает на слабое дифференцирование различных стад (–0,023...–0,002). Согласно проведенному анализу равновесия распределения генотипов по закону Харди-Вайнберга отмечается, что наибольшая часть стад имеет равновесное распределение генотипов. Исключение составляет АО «Племзавод Ярославка» по гену бета-казеина A1A2 (20,095) и ООО «Агромир» (отделение Михайловское) по гену бета-казеина (15,581).

Ключевые слова: крупный рогатый скот; ярославская порода; генотипы; гены молочной продуктивности; полиморфизм; генетическое разнообразие.

Для цитирования: Ильина А. В., Абрамова М. В., Евдокимов Е. Г. Полиморфизм аллельных вариантов генов белков молока у ярославской породы крупного рогатого скота // Аграрный научный журнал. 2023. № 10. С. 108–114. <http://dx.doi.org/10.28983/asj.y2023i10pp108-114>.

VETERINARY MEDICINE AND ZOOTECHNICS

Original article

Polymorphism of allelic variants of milk protein genes in Yaroslavl breed of cattle

Anna V. Iilina, Marina V. Abramova, Evgeniy G. Evdokimov

Federal Williams Research Center of Forage Production & Agroecology, Yaroslavl region, Mikhailovsky, Russia, e-mail: annabilina@yandex.ru

Abstract. The polymorphism of allelic variants of milk productivity genes (alpha-lactoglobulin, beta-casein, kappa-casein, prolactin, somatotropin) in cattle of the yaroslavl breed was studied in conjunction with an assessment of the genetic diversity of the studied population. The distribution of frequencies of occurrence of genotypes in the genes of the studied herds (0.1...0.716049) was determined. Based on the calculations of the average values of the genetic diversity indices, the effective number of alleles (1.679...1.994), the Shannon information index (0.594...0.692), the observed heterozygosity (0.087...0.716), the expected heterozygosity (0.404...0.498), fixation index (–0.498...0.823). The coefficient of inbreeding of subpopulations in the studied genes relative to the entire population indicates a weak differentiation of different herds (–0.023 ... –0.002). According to the analysis of the equilibrium distribution of genotypes according to the Hardy-Weinberg law, it is noted that the largest part of the herds has an equilibrium distribution of genotypes. The exception is yaroslavka breeding Plant JSC for the A1A2 beta-casein gene (20.095) and Agromir LLC (Mikhailovskoe branch) for the beta-casein gene (15.581).

Keywords: cattle; Yaroslavl breed; genotypes; milk production genes; polymorphism; genetic diversity.

For citation: Iilina A. V., Abramova M. V., Evdokimov E. G. Polymorphism of allelic variants of milk protein genes in Yaroslavl breed of cattle. Agrarnyy nauchnyy zhurnal = The Agrarian Scientific Journal. 2023;(10): 108–114. (In Russ.). <http://dx.doi.org/10.28983/asj.y2023i10pp108-114>.





Введение. Изучение полиморфных вариантов генов молочной продуктивности позволяет определять степень вариации аллельных вариантов в стадах крупного рогатого скота, устанавливать степень гетерозиготности. Кроме того, консервативность этих генов и меньшая их степень эволюции у крупного рогатого скота по сравнению с другими видами плацентарных позволяют использовать эти гены в качестве ДНК-маркеров в селекционном процессе при отборе быков-производителей и маточного поголовья по показателям продуктивности. В дальнейшем это позволит создать микропопуляции для производства продукции с нужными технологическими свойствами [1, 5, 6].

Исследование генетического полиморфизма предоставляет возможность рассчитывать генетические расстояния и создавать генетические карты. Изучение аллельных вариантов генов молочной продуктивности поможет также решить проблему сохранения чистоты отечественных молочных пород, поскольку в последние десятилетия наблюдается активный процесс голштинизации скота [2, 3, 8–11].

Цель настоящей работы – изучение полиморфизма аллельных вариантов генов молочной продуктивности у крупного рогатого скота ярославской породы в совокупности с оценкой генетического разнообразия этой популяции.

Методика исследований. Исследования проводили в племенных стадах Ярославской области, на чистопородных животных ярославской породы (217 голов). Материалом для исследования послужил биологический материал исследуемой выборки.

Для оценки генетического разнообразия были рассчитаны следующие показатели на основе формул, представленных в работах Л.А. Животовского и В.М. Кузнецова [4, 7].

Количество аллелей – N_a . Количество эффективных аллелей N_e :

$$N_e = \frac{1}{\sum p_i^2}, \quad (1)$$

где p_i – частота i -й аллели.

Информационный индекс Шеннона I :

$$I = -1 * \sum p_i * \ln p_i, \quad (2)$$

где p_i – частота i -й аллели.

Наблюдаемая гетерозиготность H_o :

$$H_o = N_{\text{гет}}/N, \quad (3)$$

где N – общее количество особей; $N_{\text{гет}}$ – количество особей-гетерозигот.

Ожидаемая гетерозиготность H_e :

$$H_e = 1 - \sum p_i^2, \quad (4)$$

где p_i – частота i -й аллели.

Индекс фиксации F :

$$F_{\text{fis}} = \frac{(H_e - H_o)}{H_e}, \quad (5)$$

где H_o – наблюдаемая гетерозиготность; H_e – ожидаемая гетерозиготность.

Среднее число аллелей u :

$$u = (\sum \sqrt{p_i})^2, \quad (6)$$

где p_i – частота i -й аллели.

Доля редких генотипов:

$$h = 1 - \frac{u}{Na}, \quad (7)$$

где u – среднее число аллелей.

Коэффициент инбридинга субпопуляции относительно всей популяции F_{st} :

$$F_{st} = \frac{AP}{AP+AI+WI}. \quad (8)$$

Коэффициент инбридинга особей в субпопуляциях F_{is} :

$$F_{is} = \frac{AI}{WI+AI}. \quad (9)$$

Коэффициент инбридинга особей в популяции как в целом F_{it} :

$$F_{it} = \frac{AI+AP}{WI+AI+AP}, \quad (10)$$

где AI – вариация, оцененная между отдельными особями; AP – вариация, оцененная среди популяций; WI – вариация, оцененная внутри отдельных особей.

Число степеней свободы DF :

$$DF = (r - 1) * (c - 1). \quad (11)$$

Критерий Хи-квадрат χ^2 :

$$\chi^2 = \sum_{i=1}^r \sum_{j=1}^c \frac{(O_{ij} - E_{ij})^2}{E_{ij}}. \quad (12)$$

где i – номер строки; j – номер столбца; r – общее количество строк; c – общее количество столбцов; O_{ij} – фактическое количество наблюдений в ячейке ij ; E_{ij} – ожидаемое число наблюдений в ячейке ij .

Для расчета генетических характеристик использовали формулы. Частоту встречаемости генотипов каждой группы генов определяли по следующей формуле:

$$q = fi / 2N,$$

где q – частота i -го генотипа; fi – число этого генотипа в популяции, численность которой составляет N .

Для оценки статистической значимости различий между эмпирическими и теоретическими частотами встречаемости генотипов применяли критерий Хи-квадрат (χ^2) Пирсона [11]. Теоретические частоты встречаемости рассчитывали на основе закона Харди-Вайнберга [4]. Для выявления частных различий эмпирического и теоретического распределений применялся z-тест. Критический уровень значимости принимали равным 0,05 ($\alpha = 0,05$). Для обработки и статистического анализа данных использовали программное обеспечение Python 3.9.7, MS Office Excel 2016, GenAlEx 6.51 [11].

Результаты исследований. Исследование полиморфизма генов молочной продуктивности крупного рогатого скота показало наличие генетической неоднородности и нескольких генотипов в каждой из исследуемых популяций (табл. 1).

Следует отметить, что количество эффективных аллелей в каждом исследуемом стаде по каждому локусу приближается к реальному числу аллелей (1,679...1,994), что указывает на высокий уровень полиморфизма в исследуемых локусах и на отсутствие значительного смещения в распределении частот аллелей.

По всем исследуемым локусам во всех стадах наблюдается сходный невысокий показатель индекса Шеннона (0,594...0,692), что подтверждается стремящимися к 0,5 показателями гетерозиготности. При этом важно отметить стада, имеющие высокие показатели генетического разнообразия. Так, по гену бета-казеина A1A2 в стаде хозяйства АО «Племзавод Ярославка» отмечено высокое значение наблюдаемой гетерозиготности (0,716) и низкое значение индекса фиксации (–0,498). Такие показатели указывают на избыток гетерозигот и наличие высокой доли неродственных спариваний. Подобное состояние отмечено и по гену каппа-казеина для стад АО «Племзавод Ярославка» (0,556 и –0,156 соответственно)



и ООО «Агромир», отд. Горшиха (0,500 и –0,084 соответственно), по гену соматотропина – ООО «Агромир» (0,571 и –0,167; 0,700 и –0,414 соответственно). В остальных стадах отмечена обратная тенденция, заключающаяся в увеличении доли близкородственных спариваний.

Таблица 1

Средние значения индексов генетического разнообразия

Ген	Хозяйство	Объем выборки N	Число аллелей N_a	Эффективное число аллелей N_e	Информационный индекс Шеннона I	Наблюдаемая гетерозиготность H_o	Ожидаемая гетерозиготность H_e	Индекс фиксации F
Альфа-лактоглобулин	ООО «Агромир» (отд. Горшиха)	35	2	1,849	0,652	0,314	0,459	0,316
	ООО «Агромир» (отд. Михайловское)	48	2	1,679	0,594	0,354	0,404	0,124
Бета-казеин A1 A2	АО «Племзавод Ярославка»	81	2	1,916	0,671	0,716	0,478	–0,498
Бета-казеин	АО «Племзавод Ярославка»	81	2	1,773	0,628	0,346	0,436	0,207
	ООО «Агромир» (отд. Михайловское)	23	2	1,967	0,685	0,087	0,491	0,823
Каппа-казеин	АО «Племзавод Ярославка»	81	2	1,925	0,674	0,556	0,480	–0,156
	ООО «Агромир» (отд. Михайловское)	121	2	1,918	0,672	0,413	0,479	0,137
	ОАО «ПЗ им. Дзержинского»	53	2	1,994	0,692	0,415	0,498	0,167
	ООО «Агромир» (отд. Горшиха)	18	2	1,857	0,654	0,500	0,461	–0,084
Пролактин	ООО «Агромир» (отд. Михайловское)	59	2	1,716	0,608	0,390	0,417	0,066
	ООО «Агромир» (отд. Горшиха)	60	2	1,935	0,676	0,483	0,483	0,000
Соматотропин	ООО «Агромир» (отд. Михайловское)	63	2	1,960	0,683	0,571	0,490	–0,167
	ООО «Агромир» (отд. Горшиха)	10	2	1,980	0,688	0,700	0,495	–0,414

Для более подробной оценки генетического разнообразия внутри исследуемых стад был проведен анализ генетической дифференциации с использованием анализа молекулярной дисперсии (табл. 2).

Таблица 2

Анализ генетической дифференциации исследуемых стад

Ген	Коэффициент инбридинга субпопуляций относительно всей популяции F_{st}	Коэффициент инбридинга особей в субпопуляциях F_{is}	Коэффициент инбридинга особей в популяции как в целом F_{it}	Процент дисперсии, объясненный наличием популяции, Among Pops	Процент дисперсии, объясненный разнообразием каждой особи, Among Indiv	Процент дисперсии, объясненный различиями между особями, Within Indiv
Альфа-лактоглобулин	–0,002	0,222	0,221	0	22	78
Бета-казеин	0,009	0,365	0,371	1	36	63
Каппа-казеин	–0,002	0,050	0,047	0	5	95
Пролактин	0,018	0,039	0,056	2	4	94
Соматотропин	–0,023	–0,188	–0,215	0	0	100

Во всех исследуемых генах коэффициент инбридинга субпопуляций относительно всей популяции указывает на слабое дифференцирование различных стад (–0,023...–0,002).

По генам альфа-лактоглобулина и бета-казеина показаны высокие коэффициенты инбридинга (F_{is} и F_{it}), указывающие на дефицит гетерозигот как внутри стад, так и в популяции в целом (0,222 и 0,221; 0,365 и 0,371 соответственно). По гену соматотропина наблюдается обратная тенденция, так как имеется избыток гетерозигот в стадах и в популяции в целом (–0,188 и –0,215 соответственно). По генам каппа-казеина и пролактина исследуемые стада близки к равновесному состоянию между гетерозиготами и гомозиготами.

По данным, полученным в результате оценки молекулярной дисперсии, установлено, что наибольшая часть генетического разнообразия (63–100 %) обусловлена различиями между особями





изучаемых стад. Значительная часть (4–36 %) дисперсии объясняется индивидуальной изменчивостью особей. Наличие нескольких стад объясняет незначительную долю (0–2 %) генетической дисперсии изучаемой популяции.

В табл. 3 представлены данные по частотным распределениям генотипов в исследуемых генах. Так, по гену альфа-лактоглобулина в ООО «Агромир» в разных отделениях наблюдается схожий паттерн распределения частот. Наибольшую частоту имеет генотип ALG^{AA} (0,485714 и 0,541667), а наименьшую – генотип ALG^{BB} (0,2 и 0,104167).

Таблица 3

Распределение частот встречаемости генотипов в исследуемых стадах

Хозяйство	Ген		
	альфа-лактоглобулин		
	AA	AB	BB
ООО «Агромир» (отделение Горшиха)	0,485714	0,314286	0,2
ООО «Агромир» (отделение Михайловское)	0,541667	0,354167	0,104167
	бета-казеин		
	AA	AB	BB
ООО «Агромир» (отделение Михайловское)	0,521739	0,086957	0,391304
АО «Племзавод Ярославка»	0,506173	0,345679	0,148148
	бета-казеин A1A2		
	A1A1	A1A2	A2A2
АО «Племзавод Ярославка»	0,246914	0,716049	0,037037
	каппа-казеин		
	AA	AB	BB
ООО «Агромир» (отделение Горшиха)	0,320755	0,415094	0,264151
ООО «Агромир» (отделение Михайловское)	0,396694	0,413223	0,190083
АО «Племзавод Ярославка»	0,320988	0,555556	0,123457
ОАО «ПЗ им. Дзержинского»	0,388889	0,500000	0,111111
	пролактин		
	AA	AB	BB
ООО «Агромир» (отделение Михайловское)	0,508475	0,389831	0,101695
ООО «Агромир» (отделение Горшиха)	0,35	0,483333	0,166667
	соматотропин		
	LL	LV	VV
ООО «Агромир» (отделение Горшиха)	0,2	0,7	0,1
ООО «Агромир» (отделение Михайловское)	0,285714	0,571429	0,142857

По гену бета-казеина в исследуемых стадах отмечено различие в распределении частот генотипов. В обоих стадах наибольшую частоту встречаемости имеет генотип CSN2^{AA} (0,506173; 0,521739). Наименьшая частота встречаемости в стаде ООО «Агромир» (отделение Михайловское) приходится на генотип CSN2^{AB} (0,086957), в то время как в стаде АО «Племзавод Ярославка» наименьшую частоту встречаемости имеют гомозиготы CSN2^{BB} (0,148148). Наибольшее распространение по гену бета-казеина A1A2 выявлено у животных с гетерозиготным генотипом A1A2 (0,716049), а гомозиготы A2A2 (0,037037) имеют наименьшую частоту встречаемости.

По гену каппа-казеина также можно отметить наличие сходного паттерна распределения частот аллелей во всех исследуемых стадах. Наибольшую частоту встречаемости имеют животные, несущие генотип CSN3^{AB}, наименьшую гомозиготные – CSN3^{BB}.

По гену пролактина можно отметить расхождение распределений генотипов в стадах разных отделений ООО «Агромир». Так, в отделении Михайловское преобладают особи, несущие гомозиготный генотип PRL^{AA} (0,508475), а в отделении Горшиха – особи с генотипом PRL^{AB} (0,483333). При этом в обоих хозяйствах наиболее редкими являются животные с генотипом PRL^{BB}.

Распределение генотипов по гену соматотропина сходно в стадах разных отделений ООО «Агромир». Наибольшую частоту встречаемости имеет генотип GH^{LV} (0,7; 0,571429), наименьшую – GH^{VV} (0,1; 0,142857).

Для оценки процессов, происходящих в исследуемых стадах, проведен анализ равновесия распределения генотипов по закону Харди-Вайнберга (табл. 4).

Таблица 4

Равновесие по закону Харди-Вайнберга

Ген	Хозяйство	Число степеней свободы DF	Значение критерия Хи-квадрат ChiSq	Достигнутый уровень значимости Prob
Альфа-лактоглобулин	ООО «Агромир» (отделение Горшиха)	1	3,485	0,062
	ООО «Агромир» (отделение Михайловское)	1	0,738	0,390
Бета-казеин A1A2	АО «Племзавод Ярославка»	1	20,095	0,000
Бета-казеин	АО «Племзавод Ярославка»	1	3,471	0,062
	ООО «Агромир» (отделение Михайловское)	1	15,581	0,000
Каппа-казеин	АО «Племзавод Ярославка»	1	1,977	0,160
	ООО «Агромир» (отделение Михайловское)	1	2,261	0,133
	ОАО п-з имени «Дзержинского»	1	1,481	0,224
	ООО «Агромир» (отделение Горшиха)	1	0,126	0,723
Пролактин	ООО «Агромир» (отделение Михайловское)	1	0,255	0,614
	ООО «Агромир» (отделение Горшиха)	1	0,000	0,998
Соматотропин	ООО «Агромир» (отделение Михайловское)	1	1,750	0,186
	ООО «Агромир» (отделение Горшиха)	1	1,715	0,190

Для большинства исследуемых стад отмечается наличие равновесного распределения генотипов. Исключение составляет АО «Племзавод Ярославка» по гену бета-казеина A1A2 (20,095) и ООО «Агромир» (отделение Михайловское) по гену бета-казеина (15,581).

Заключение. В результате оценки полиморфизма генов молочной продуктивности в популяции крупного рогатого скота ярославской породы установлено наличие трех аллельных вариантов генотипов с различными частотами встречаемости.

На основании оценки средних значений индексов генетического разнообразия у ярославской породы крупного рогатого скота отмечен высокий уровень полиморфизма в исследуемых локусах и отсутствие значительного смещения в распределении частот аллелей.

Во всех исследуемых генах коэффициент инбридинга субпопуляций относительно всей популяции указывает на слабое дифференцирование различных стад.

Внедрение изученных генов-маркеров молочной продуктивности в практику молочного скотоводства позволит существенно сократить затраты времени на селекционный процесс, заметно повысить показатели хозяйственно полезных качеств животных и тем самым совершенствовать породную популяцию.

Работа выполнена согласно государственному заданию (рег. номер 122041100076-6, номер/шифр FGGW-2022-0010) по теме «Разработать селекционную программу и систему по сохранению и рациональному использованию генофонда крупного рогатого скота и овец, направленные на повышение и реализацию генетического потенциала по продуктивности и продолжительности хозяйственного использования».

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Взаимосвязь полиморфных генов пролактина и соматотропина крупного рогатого скота с молочной продуктивностью / И. Н. Долматова [и др.] // Вестник Башкирского государственного аграрного университета. 2020. № 1. С. 70–78.
2. Генетические маркеры молочной продуктивности крупного рогатого скота (обзор) / Н. А. Худякова [и др.] // Эффективное животноводство. 2022. № 6(181). С. 74–77.
3. Голштинская порода в создании улучшенных генотипов и внутривидовых типов крупного рогатого скота / Н. М. Косяченко [и др.]. Ярославль: Канцлер, 2020. 157 с.
4. Животовский Л. А. Популяционная биометрия. М.: Наука, 1991. 272 с.
5. Изучение генетического полиморфизма аллельных вариантов генов CSN2 и CSN3 у крупного рогатого скота ярославской породы / В. Р. Веселова [и др.] // Интеграция науки и высшего образования как основа инновационного





развития аграрного производства: материалы Всерос. науч.-практ. конф. с междунар. участием. Ярославль: Канцлер, 2019. С. 36–38.

6. Изучение показателей продуктивности коров чёрно-пёстрой породы с учетом генотипов ДНК-маркеров / А. В. Степанов [и др.] // Вестник Курганской ГСХА. 2022. № 2(42). С. 25–35.

7. Кузнецов В. М. F-статистики Райта: оценка и интерпретация // Проблемы биологии продуктивных животных. 2014. Т. 4. С. 80–104.

8. Полиморфизм гена каппа-казеина в популяциях молочного скота Костромской области и его влияние на молочную продуктивность коров / П. О. Щеголев [и др.] // Аграрная наука. 2022. № 10. С. 77–85.

9. Порожденные особенности аллельного профиля генов, контролирующих молочную продуктивность крупного рогатого скота / М. И. Селионова [и др.] // АгроЗооТехника. 2019. Т. 2. № 1. С. 3–13.

10. Smouse P. E., Banks S. C., Peakall R. Converting quadratic entropy to diversity: Both animals and alleles are diverse, but some are more diverse than others // PLoS One. 2017. Т. 12. No. 10. P. e0185499.

11. Kate R. R., Kale D. S., Jaya Singh & Patil D. V. SPP1 gene polymorphisms within Intron-IV and Exon-IV region and their association with milk traits in Gaolao cattle // Proceeding of 12th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production (WCGALP) Technical and species orientated innovations in animal breeding, and contribution of genetics to solving societal challenges. Wageningen Academic Publishers, 2022. P. 2203–2207.

REFERENCES

1. Interrelation of polymorphic genes of prolactin and somatotropin in cattle with milk productivity / I. N. Dolmatova et al. *Bulletin of the Bashkir State Agrarian University*. 2020;(1):70–78. (In Russ.).

2. Genetic markers of dairy productivity of cattle (review) / N. A. Khudyakova et al. *Effective animal husbandry*. 2022; 6(181):74–77. (In Russ.).

3. The Holstein breed in the creation of improved genotypes and intrabreed types of cattle / N. M. Kosyachenko et al. Yaroslavl: Chancellor; 2020. 157 p. (In Russ.).

4. Zhivotovsky L. A. Population biometrics. M.: Science; 1991. 272 p. (In Russ.).

5. The study of genetic polymorphism of allelic variants of the CSN2 and CSN3 genes in cattle of the Yaroslavl breed / V. R. Veselova et al. Integration of science and higher education as the basis for the innovative development of agricultural production: Proceedings of the All-Russian scientific and practical conference with international participation. Yaroslavl: Chancellor; 2019. P. 36–38. (In Russ.).

6. The study of productivity indicators of black-and-white cows, taking into account the genotypes of DNA markers / A.V. Stepanov et al. *Bulletin of the Kurgan State Agricultural Academy*. 2022;2(42):25–35. (In Russ.).

7. Kuznetsov V. M. F-statistics of Wright: assessment and interpretation. *Problems of biology of productive animals*. 2014;4:80–104. (In Russ.).

8. Polymorphism of the kappa-casein gene in populations of dairy cattle of the Kostroma region and its influence on milk productivity of cows / P. O. Schegolev et al. *Agricultural Science*. 2022;(10):77–85. (In Russ.).

9. Breed features of the allelic profile of the genes that control the milk productivity of cattle / M. I. Selionova et al. *AgroZooTekhnika*. 2019;2(1):3–13. (In Russ.).

10. Smouse P. E., Banks S. C., Peakall R. Converting quadratic entropy to diversity: Both animals and alleles are diverse, but some are more diverse than others. *PLoS One*. 2017;12(10):e0185499.

11. Kate R. R., Kale D. S., Jaya Singh & Patil D. V. SPP1 gene polymorphisms within Intron-IV and Exon-IV region and their association with milk traits in Gaolao cattle. Proceeding of 12th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production (WCGALP) Technical and species orientated innovations in animal breeding, and contribution of genetics to solving societal challenges. Wageningen Academic Publishers; 2022. P. 2203–2207.

Статья поступила в редакцию 06.04.2023; одобрена после рецензирования 14.04.2023; принята к публикации 25.04.2023.

The article was 06.04.2023; approved after 14.04.2023; accepted for publication 25.04.2023.