

**ПРОИЗВОДСТВО ЖИВОТНОВОДЧЕСКОЙ ПРОДУКЦИИ /
MANUFACTURE OF LIVESTOCK PRODUCTION**

Научная статья / *Original article*

УДК 636.082:591.11:576.8.097.2(470.68)

DOI: 10.31208/2618-7353-2022-18-26-36

**ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА
РАЗНЫХ ПОРОД ПО АНТИГЕННЫМ ФАКТОРАМ КРОВИ**

**GENETIC STRUCTURE OF CATTLE OF DIFFERENT BREEDS
BY ANTIGENIC BLOOD FACTORS**

Надежда В. Чимидова, кандидат биологических наук
Людмила Г. Моисейкина, доктор биологических наук, профессор
Баатр К. Болаев, доктор сельскохозяйственных наук
Алтана В. Убушиева, специалист

Nadezhda V. Chimidova, candidate of biological sciences
Ludmila G. Moiseikina, doctor of biological sciences, professor
Baatr K. Bolaev, doctor of agricultural sciences
Altana V. Ubushieva, specialist

Калмыцкий государственный университет им. Б.Б. Городовикова, Элиста

Kalmyk State University named after B.B. Gorodovikov, Elista, Republic of Kalmykia, Russia

Контактное лицо: Чимидова Надежда Васильевна, кандидат биологических наук, старший преподаватель кафедры биотехнологии и животноводства, аграрный факультет, Калмыцкий государственный университет имени Б.Б. Городовикова; 358011, Россия, Республика Калмыкия, г. Элиста, 5 микрорайон, комплекс КГУ, строение 3, учебный корпус № 4; ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-3043-091X>; e-mail: nadezhdatchimidova@yandex.ru; тел.: 89374620111.

Формат цитирования: Чимидова Н.В., Моисейкина Л.Г., Болаев Б.К., Убушиева А.В. Генетическая структура крупного рогатого скота разных пород по антигенным факторам крови // Аграрно-пищевые инновации. 2022. Т. 18, № 2. С. 26-36. <https://doi.org/10.31208/2618-7353-2022-18-26-36>.

Principal Contact: Nadezhda V. Chimidova, Candidate of Biological Sciences, Senior Lecturer, Department of Biotechnology and Animal Husbandry, Faculty of Agriculture, Kalmyk State University named after B.B. Gorodovikov; educational building no. 4, KSU complex, building 3, microdistrict 5, Elista, Republic of Kalmykia, 358011, Russian Federation; ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-3043-091X>; e-mail: nadezhdatchimidova@yandex.ru; tel.: +79374620111.

How to cite this article: Chimidova N.N., Moiseikina L.G., Bolaev B.K., Ubushieva A.V. Genetic structure of cattle of different breeds by antigenic blood factors. *Agrarian-and-food innovations*. 2022;18(2):26-36. (In Russ.). <https://doi.org/10.31208/2618-7353-2022-18-26-36>.

Резюме

Цель. Изучение генетического полиморфизма эритроцитарных антигенов у крупного рогатого скота калмыцкой, казахской белоголовой, герефордской и симментальской пород, оценка их генетической структуры, а также сравнительный анализ групп крови калмыцкого скота в Республике Калмыкия и Астраханской области.

Материалы и методы. Проведена сравнительная характеристика генетической структуры по группам крови калмыцкого скота Республики Калмыкия с крупным рогатым скотом казах-

ской белоголовой, герефордской, симментальской и калмыцкой породами Астраханской области. Тестирование по группам крови проводилось по стандартным методикам (Neimann-Sorensen) с использованием моноспецифических сывороток (Nei M. and Li W.H., 1979) производства ОАО «Самарское» по племенной работе.

Результаты. Иммуногенетическое тестирование животных проводилось по стандартным методикам (Neimann-Sorensen) с использованием реагентов – моноспецифических сывороток, производимых в ОАО «Самарское» по племенной работе. Анализ иммуногенетического тестирования скота калмыцкой породы в Республике Калмыкия установил наибольшую частоту встречаемости антигенов В2 (69%), Е'3 (82%), С1 (88%), W (67%), Z (71%) и наименьшую частоту встречаемости – В' (15%), Q (10%), С2 (17%), F (19%). Тестирование по группам крови казахской белоголовой породы показало, что антигены А1, Г', С1, W, L, F имели высокой показатель частоты и составляли 63; 79; 73; 66; 91; 87% соответственно. Низкий показатель частоты у антигенов В2 (20%), G3 (11%), Y2 (2%), F' (11%), С2 (5%), X2 (5%), U'' (12%). Такие антигены, как O2 и H'', не встречались вообще. Наибольшая частота встречаемости эритроцитарных антигенов герефордской породы была у антигенов G2 (69%), O3 (65%), O4 (58%), Y2 (67%), Q (61%), С2 (72%), X2 (59%), L (71%), V (68%), наименьшая – у В2 (15%), П1 (14%), Г' (17%), R2 (13%). Наибольшая частота встречаемости симментальской породы наблюдалась у антигена А2 – 66%, Y2 – 77%, С1 – 91%, F – 90%, H'' – 65%. Наименьшая частота наблюдалась у антигенов В2 – 5%, П1 – 12%, F' – 11%. Антигены А'2, Г', W и U'' не встречались вообще. Тестирование по группам крови крупного рогатого скота калмыцкой породы Астраханской области показало, что максимальную частоту встречаемости имели антигены А2 – 100%, П1 – 70%, А'2 – 90%, O4 – 70%, Е'3 – 92%, F' – 70%, R2 – 94%, L – 90%, F – 71% и Z – 100%. Антигены с минимальной частотой – O2 (1%), Г' (2%), С2 (11%), S1 (1%). Такие антигены, как O3 и Q, не наблюдались вообще.

Заключение. Установлено, что скот калмыцкой породы, разводимый в Калмыкии, отличается от животных, разводимых в другой зоне, обеспечивая дальнейшее совершенствование породы. Генетический статус племенного поголовья калмыцкого скота Республики Калмыкия и казахской белоголовой, герефордской, симментальской и калмыцкой Астраханской области свидетельствует о генетическом разнообразии, о разнонаправленной селекционно-племенной работе в стадах.

Ключевые слова: калмыцкий скот, полиморфизм, казахская белоголовая порода, симментальская порода, герефордская порода, эритроцитарные факторы крови, частота встречаемости антигенов

Abstract

Aim. The study of the genetic polymorphism of erythrocyte antigens in Kalmyk, Kazakh white-headed, Hereford and Simmental cattle, to evaluate their genetic structure, and to compare the blood groups of Kalmyk cattle in the Republic of Kalmykia and the Astrakhan region.

Materials and Methods. A comparative characterization of the genetic structure by blood groups of Kalmyk cattle of the Republic of Kalmykia with cattle of the Kazakh Whitehead, Hereford, Simmental and Kalmyk breeds of the Astrakhan region was carried out. Blood group testing was conducted according to standard methods (Neimann-Sorensen) using monospecific serum (Nei M. and Li W.H., 1979) produced by JSC "Samarskoye" for breeding work.

Results. Immunogenetic testing of animals was performed according to standard methods (Neimann-Sorensen) using reagents – monospecific serum produced by JSC "Samarskoye" for breeding work. Analysis of immunogenetic testing of Kalmyk cattle in the Republic of Kalmykia es-

established the highest frequency of B2 (69%), E'3 (82%), C1 (88%), W (67%), Z (71%) antigens and the lowest frequency of B' (15%), Q (10%), C2 (17%), F (19%). Blood group testing of Kazakh white-headed breed showed that A1, I', C1, W, L, F antigens had a high frequency index and were 63; 79; 73; 66; 91; 87%, respectively. The antigens B2 (20%), G3 (11%), Y2 (2%), F' (11%), C2 (5%), X2 (5%), U' (12%) had a low frequency rate. Antigens such as O2 and H'' were not found at all. The highest frequency of occurrence of the Hereford antigens was in G2 (69%), O3 (65%), O4 (58%), Y2 (67%), Q (61%), C2 (72%), X2 (59%), L (71%), V (68%), the lowest in B2 (15%), II (14%), I' (17%), R2 (13%). The highest frequency of the Simmental breed was observed for the A2 antigen at 66%, Y2 at 77%, C1 at 91%, F at 90%, and H' at 65%. The lowest frequency was observed for the B2 antigen – 5%, II – 12%, F' – 11%. Antigens A'2, I', W and U' did not occur at all. Blood group testing of Kalmyk breeds of Astrakhan cattle showed the highest frequency of antigens A2 – 100%, II – 70%, A'2 – 90%, O4 – 70%, E'3 – 92%, F' – 70%, R2 – 94%, L – 90%, F – 71% and Z – 100%. Antigens with minimal frequency are O2 (1%), I' (2%), C2 (11%), S1 (1%). Antigens such as O3 and Q were not observed at all.

Conclusion. It has been established that the cattle of the Kalmyk breed bred in Kalmykia differs from the animals bred in another zone, providing further improvement of the breed. The genetic status of the breeding stock of the Kalmyk cattle of the Republic of Kalmykia and the Kazakh white-headed, Hereford, Simmental and Kalmyk of the Astrakhan region indicates genetic diversity, multidirectional selection and breeding work in the herds.

Keywords: Kalmyk cattle, polymorphism, Kazakh white-headed breed, Simmental breed, Hereford breed, erythrocyte blood factors, frequency of antigens

Введение. В настоящее время первостепенное научное и практическое значение отводится современным методам селекции крупного рогатого скота, выведению новых заводских типов, линий с высокой племенной ценностью, хорошо адаптированных к местным условиям. В современной селекционно-племенной работе особое значение имеют исследование и использование иммуногенетических показателей животных, поскольку дает представление о генетической структуре популяции и впоследствии позволяет целенаправленно вести селекционную работу с ними [1-6].

Открытие антигенных эритроцитарных факторов создало необходимые условия для получения объективной оценки генотипа животных, анализа генетической структуры различных популяций, осуществления мониторинга, определения маркеров продуктивности, а также для выявления лучшей сочетаемости родительских пар.

Генетическое маркирование позволяет сравнивать популяции скота по уровню биоразнообразия, проводить генетическую дифференциацию линий и семейств, мониторинг генофонда породы, оценивать и прогнозировать эффективность племенной работы [7-10; 11-14].

Иммуногенетическое тестирование животных применяется для проверки истинности происхождения животных на основе сопоставления аллельных вариантов – групп крови потомка и его родителей. Использование иммуногенетических маркеров позволяет повышать эффективность селекции в породах и популяциях крупного рогатого скота [15-17; 18-20].

Целью исследования было сравнение генетической структуры антигенных эритроцитарных факторов крупного рогатого скота калмыцкой, казахской белоголовой, герефордской и симментальской пород.

Материалы и методы. Была проведена сравнительная характеристика генетической структуры по группам крови калмыцкого скота Республики Калмыкия с крупным рогатым скотом казахской белоголовой, герефордской, симментальской и калмыцкой пород Астра-

ханской области. Тестирование по группам крови проводилось по стандартным методикам (Neimann-Sorensen) с использованием моноспецифических сывороток (Nei M and Li WH, 1979) производства ОАО «Самарское» по племенной работе.

Частоту встречаемости антигенов определяли по формуле:

$$p=n/N,$$

где p – частота определяемого антигена; n – количество особей с данным антигеном; N – общее количество животных.

Генетические расстояния были вычислены по формуле:

$$I = \frac{\sum a_i b_i}{\sqrt{\sum a_i^2 \sum b_i^2}}$$

$$D = -\ln I$$

Все животные находились в одинаковых условиях при чистопородном разведении.

Результаты и обсуждение. Вариация аллелофонда крупного рогатого скота разных пород по 30 антигенам составляет от 0 до 100% (таблица 1).

В результате иммуногенетического тестирования скота калмыцкой породы в Республике Калмыкия установлено, что наибольшую частоту встречаемости имели антигены В2 (69%), Е'3 (82%), С1 (88%), W (67%), Z (71%). Наименьшую частоту встречаемости имели антигены В' (15%), Q (10%), С2 (17%), F (19%).

Тестирование по группам крови казахской белоголовой породы Астраханской области показало, что антигены А1, Г', С1, W, L, F имели высокий показатель частоты и составляли 63; 79; 73; 66; 91; 87% соответственно. Низкий показатель частоты у антигенов В2 (20%), G3 (11%), Y2 (2%), F' (11%), С2 (5%), X2 (5%), U'' (12%). Такие антигены, как О2 и Н'', не встречались вообще.

Наибольшая частота встречаемости эритроцитарных антигенов герефордской породы Астраханской области была у антигенов G2 (69%), О3 (65%), О4 (58%), Y2 (67%), Q (61%), С2 (72%), X2 (59%), L (71%), V (68%), наименьшая – у В2 (15%), I1 (14%), Г' (17%), R2 (13%).

Симментальская порода крупного рогатого скота Астраханской области также была протестирована по 30 антигенам, где наибольшая частота встречаемости наблюдалась у антигена А2 – 66%, Y2 – 77%, С1 – 91%, F – 90%, Н'' – 65%. Наименьшая частота наблюдалась у антигенов В2 – 5%, I1 – 12%, F' – 11%. Антигены А'2, Г', W и U'' не встречались вообще.

Тестирование по группам крови крупного рогатого скота калмыцкой породы Астраханской области показало, что максимальную частоту встречаемости имели антигены А2 – 100%, I1 – 70%, А'2 – 90%, О4 – 70%, Е'3 – 92%, F' – 70%, R2 – 94%, L – 90%, F – 71% и Z – 100%. Антигены с минимальной частотой – О2 (1%), Г' (2%), С2 (11%), S1 (1%). Такие антигены, как О3 и Q, не наблюдались вообще.

Анализ антигенных свойств групп крови позволил провести сравнительную характеристику аллелофонда калмыцкого скота Республики Калмыкия со скотом разных пород Астраханской области.

Анализ генетического статуса разных пород выявил антигены, встречающиеся с наибольшей частотой как у калмыцкой породы, так и в других. Так, например, антиген А1 с наибольшей частотой встречается у калмыцкой породы РК (67%), казахской белоголовой (63%) и калмыцкой АО (60%). Антиген А2 имеет максимальную частоту у калмыцкой породы РК (66%), симментальской (66%) и калмыцкой АО (100%).

Таблица 1. Сравнительная характеристика аллелофонда крупного рогатого скота разных пород

Table 1. Comparative characteristics of the allelofond of cattle of different breeds

Система System	Антиген Antigen	Калмыцкая n-1918 Kalmyk n-1918	Казахская белоголовая n-200 Kazakh white-head n-200	Геррефордская n-50 Hereford n-50	Симментальская n-50 Simmental n-50	Калмыцкая (Астраханская обл.) n-70 Kalmyk (Astrakhan region) n-70
A	A1	0,67	0,63	0,18	0,43	0,6
	A2	0,66	0,45	0,29	0,66	1
B	B2	0,69	0,20	0,15	0,05	0,2
	G2	0,27	0,28	0,69	0,39	0,2
	G3	0,35	0,11	0,24	0,14	0,9
	I1	0,33	0,50	0,14	0,12	0,7
	A'2	0,32	0,49	0,25	-	0,9
	O2	0,64	-	0,30	0,49	0,01
	O3	0,23	0,17	0,65	0,39	-
	O4	0,23	0,21	0,58	-	0,7
	Y2	0,43	0,02	0,67	0,77	0,2
	B'	0,15	0,40	0,2	0,04	0,3
	D'	0,61	0,55	0,26	0,17	0,21
	E'3	0,82	0,22	0,22	0,30	0,92
	F'	0,6	0,11	0,24	0,11	0,7
	Г'	0,32	0,79	0,17	-	0,02
	O'	0,62	0,27	0,55	0,22	0,5
Q	0,10	0,17	0,61	0,06	-	
C	C1	0,88	0,73	0,35	0,91	0,32
	C2	0,17	0,05	0,72	0,94	0,11
	R2	0,29	0,50	0,13	0,20	0,94
	W	0,67	0,66	0,21	-	0,5
	X2	0,43	0,05	0,59	0,14	0,22
	L	0,2	0,91	0,71	0,23	0,90
F-V	F	0,19	0,87	0,47	0,90	0,71
	V	0,49	0,19	0,68	0,28	0,33
EAS	S1	0,41	0,33	0,46	0,13	0,01
	H''	0,41	-	0,18	0,65	0,4
	U''	0,55	0,12	0,21	-	0,3
EAZ	Z	0,71	0,46	0,25	0,25	1

Антиген Y2 имеет наибольший показатель у геррефордской породы (67%) и симментальской (77%).

Частота встречаемости антигена E'3 максимальна только у калмыцкой породы в РК (88%) и АО (92%), исходя из этого, можно предполагать типичность этого антигена данной породе.

Антиген C1 встречается с высокой частотой у калмыцкой породы РК (88%), казахской белоголовой (73%) и симментальской (91%). Частота встречаемости антигена C2 наибольшая у геррефордской (72%) и симментальской пород (94%).

Антиген W имеет высокий показатель у калмыцкой породы РК (67%) и казахской белоголовой (66%). Высока частота встречаемости антигена L у казахской белоголовой (91%), ге-

рефордской (71%) и калмыцкой АО (90%). Максимальное значение антигена F наблюдается у казахской белоголовой (87%), симментальской (90%) и калмыцкой АО (71%).

Наибольшая частота антигена Z, встречающаяся только у калмыцкой породы РК (71%) и Астраханской области (100%), также может свидетельствовать о принадлежности этого антигена данной породе.

Таким образом, проанализировав группы крови крупного рогатого скота разных пород, мы установили генетическую структуру каждой породы, что в последствии возможно будет связать их с хозяйственно-полезными признаками разных пород скота.

Традиционная оценка сельскохозяйственных животных по морфофункциональным и фенотипическим признакам уже не соответствует требованиям, предъявляемым к селекции. В связи с этим одной из главных задач в племенной работе является исследование полиморфизма генетических систем крови, в частности, групп крови.

Характеристика генетической структуры крупного рогатого скота разных пород по антигенным факторам крови показала, что полиморфизм эритроцитарных антигенов достаточно разнообразен.

Наибольшая частота встречаемости антигенов калмыцкой породы в Республике Калмыкия: В2, Е'3, С1, W, Z, наименьшая – В', Q, С2, F.

Наибольшая частота встречаемости антигенов казахской белоголовой: А1, I', С1, W, L, F, наименьшая – В2, G3, Y2, F', С2, X2, U". Такие антигены, как O2 и H", не встречались вообще.

Максимальная частота встречаемости эритроцитарных антигенов герефордской породы была у антигенов G2, O3, O4, Y2, Q, С2, X2, L, V, минимальная – у В2, I1, I', R2.

В симментальской породе скота с максимальной частотой были антигены А2, Y2, С1, F, H", с минимальной наблюдались В2, I1, F'. Антигены А'2, I', W и U" не встречались вообще.

Наибольшую частоту встречаемости эритроцитарных факторов калмыцкой породы в Астраханской области имели антигены А2, I1, А'2, O4, Е'3, F', R2, L, F и Z. Антигены с наименьшей частотой O2, I', С2, S1. Такие антигены, как O3 и Q, не наблюдались вообще.

Были выявлены антигены, встречающиеся с максимальной частотой как у калмыцкого скота Республики, так и Астраханской области – Е'3 и Z, исходя из чего можно констатировать типичность этих антигенов данной породе.

Заключение. Установленный генетический статус племенного поголовья калмыцкого скота Республики Калмыкия и казахской белоголовой, герефордской, симментальской и калмыцкой Астраханской области свидетельствует о генетическом разнообразии, о разнонаправленной селекционно-племенной работе в стадах. Скот калмыцкой породы, разводимый в Калмыкии, отличается от животных, разводимых в другой зоне, что обеспечивает дальнейшее совершенствование породы.

Список источников

1. Goddard M., Hayes B. Mapping genes for complex traits in domestic animals and their use in breeding programmes // *Nature Reviews Genetics*. 2009. Vol. 10. P. 381-391. <https://doi.org/10.1038/nrg2575>.
2. Pant S.D., Schenkel F.S., Verschoor C.P., You Q., Kelton D.F., Moore S.S., Karrow N.A. A principal component regression based genome wide analysis approach reveals the presence of a novel QTL on BTA7 for MAP resistance in Holstein cattle // *Genomics*. 2010. Vol. 95, no. 3. P. 176-182. <https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2010.01.001>.

3. Wu Y., Fan H., Wang Y., Zhang L., Gao X., Chen Y., Li J., Ren H., Gao H. Ge-nome-wide association studies using haplotypes and individual SNPs in Simmental cattle // PLoS One. 2014. Vol. 9(10). Article number: e109330. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0109330>.
4. Nelsen T.C., Short R.E., Urick J.J., Reynolds W.L. Heritabilities and genetic correlations of growth and reproductive measurements in Hereford bulls // Journal of Animal Science. 1986. Vol. 63, no. 2. P. 409-417. <https://doi.org/10.2527/jas1986.632409x>.
5. Abdelmanova A.S., Kharzinova V.R., Volkova V.V., Dotsev A.V., Sermyagin A.A., Chinarov R.Y., Zinovieva N.A., Boronetskaya O.I., Lutshikhina E.M., Sölkner J., Brem G. Comparative study of the genetic diversity of local steppe cattle breeds from Russia, Kazakhstan and Kyrgyzstan by microsatellite analysis of museum and modern samples // Diversity. 2021. Vol. 13, no. 8. P. 351. <https://doi.org/10.3390/d13080351>.
6. Зиновьева Н.А., Сермягин А.А., Доцев А.В., Боронецкая О.И., Петрикеева Л.В., Абдельманова А.С., Brem G. Генетические ресурсы животных: развитие исследований аллелофонда российских пород крупного рогатого скота – миниобзор // Сельскохозяйственная биология. 2019. Т. 54, № 4. P. 631-641. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2019.4.631rus>.
7. Сермягин А.А., Быкова О.А., Лоретц О.Г., Костюнина О.В., Зиновьева Н.А. Оценка геномной вариабельности продуктивных признаков у животных голштинизированной черно-пестрой породы на основе GWAS анализа и ROH паттернов // Сельскохозяйственная биология. 2020. Т. 55, № 2. P. 257-274. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2020.2.257rus>.
8. Snelling W.M., Allan M.F., Keele J.W., Kuehn L.A., McDanel T., Smith T.P.L., Sonstegard T.S., Thallman R.M., Bennett G.L. Genome-wide association study of growth in crossbred beef cattle // Journal of Animal Science. 2010. Vol. 88, no. 3. P. 837-848. <https://doi.org/10.2527/jas.2009-2257>.
9. Northcutt S.L., Wilson D.E. Genetic parameter estimates and expected progeny differences for mature size in Angus cattle // Journal of Animal Science. 1993. Vol. 71, no. 5. P. 1148-1153. <https://doi.org/10.2527/1993.7151148x>.
10. Zinovieva N.A., Dotsev A.V., Sermyagin A.A., Deniskova T.E., Abdelmanova A.S., Kharzinova V.R., Sölkner J., Reyer H., Wimmers K., Brem G. Selection signatures in two oldest Russian native cattle breeds revealed using high-density single nucleotide polymorphism analysis // PLoS One. 2020. Vol. 15(11). Article number: e0242200. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0242200>.
11. Taye M., Yoon J., Dessie T., Cho S., Oh S.J., Lee H.K., Kim H. Deciphering signature of selection affecting beef quality traits in Angus cattle // Genes & Genomics. 2018. Vol. 40, no. 1. P. 63-75. <https://doi.org/10.1007/s13258-017-0610-z>.
12. Lu D., Miller S., Sargolzaei M., Kelly M., Vander Voort G., Caldwell T., Wang Z., Plastow G., Moore S. Genome-wide association analyses for growth and feed efficiency traits in beef cattle // Journal of Animal Science. 2013. Vol. 91, no. 8. P. 3612-3633. <https://doi.org/10.2527/jas.2012-5716>.
13. Doyle J.L., Berry D.P., Veerkamp R.F., Carthy T.R., Walsh S.W., Evans R.D., Purfield D.C. Genomic regions associated with skeletal type traits in beef and dairy cattle are common to regions associated with carcass traits, feed intake and calving difficulty // Frontiers in Genetics. 2020. Vol. 11. Article number 20. <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.00020>.

14. An B., Xu L., Xia J., Wang X., Miao J., Chang T., Song M., Ni J., Xu L., Zhang L., Li J., Gao H. Multiple association analysis of loci and candidate genes that regulate body size at three growth stages in Simmental beef cattle // *BMC Genetics*. 2020. Vol. 21. Article number: 32. <https://doi.org/10.1186/s12863-020-0837-6>.
15. McClure M.C., Morsci N.S., Schnabel R.D., Kim J.W., Yao P., Rolf M.M., McKay S.D., Gregg S.J., Chapple R.H., Northcutt S.L., Taylor J.F. A genome scan for quantitative trait loci influencing carcass, postnatal growth and reproductive traits in commercial Angus cattle // *Animal Genetics*. 2010. Vol. 41, no. 6. P. 597-607. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2010.02063.x>.
16. Karim L., Takeda H., Lin L., Druet T., Arias J.A., Baurain D., Cambisano N., Davis S.R., Farnir F., Grisart B., Harris B.L., Keehan M.D., Littlejohn M.D., Spelman R.J., Georges M., Coppieters W. Variants modulating the expression of a chromosome domain encompassing PLAG1 influence bovine stature // *Nature Genetics*. 2011. Vol. 43. P. 405-413. <https://doi.org/10.1038/ng.814>.
17. Boitard S., Boussaha M., Capitan A., Rocha D., Servin B. Uncovering adaptation from sequence data: lessons from genome resequencing of four cattle breeds // *Genetics*. 2016. Vol. 203, iss. 1. P. 433-450. <https://doi.org/10.1534/genetics.115.181594>.
18. Fortes M.R.S., Kemper K., Sasazaki S., Reverter A., Pryce J.E., Barendse W., Bunch R., McCulloch R., Harrison B., Bolormaa S., Zhang Y.D., Hawken R.J., Goddard M.E., Lehnert S.A. Evidence for pleiotropism and recent selection in the PLAG1 region in Australian Beef cattle // *Animal Genetics*. 2013. Vol. 44. P. 636-647. <https://doi.org/10.1111/age.12075>.
19. Pausch H., Flisikowski K., Jung S., Emmerling R., Edel C., Götz K.U., Fries R. Genome-wide association study identifies two major loci affecting calving ease and growth-related traits in cattle // *Genetics*. 2011. Vol. 187, iss. 1. P. 289-297. <https://doi.org/10.1534/genetics.110.124057>.
20. Abdelmanova A.S., Kharzinova V.R., Volkova V.V., Mishina A.I., Dotsev A.V., Sermyagin A.A., Boronetskaya O.I., Petrikeeva L.V., Chinarov R.Y., Brem G., Zinovieva N.A. Genetic diversity of historical and modern populations of Russian cattle breeds revealed by microsatellite analysis // *Genes*. 2020. Vol. 11, no. 8. P. 940. <https://doi.org/10.3390/genes11080940>.

References

1. Goddard M., Hayes B. Mapping genes for complex traits in domestic animals and their use in breeding programmes. *Nature Reviews Genetics*. 2009;(10):381-391. <https://doi.org/10.1038/nrg2575>.
2. Pant S.D., Schenkel F.S., Verschoor C.P., You Q., Kelton D.F., Moore S.S., Karrow N.A. A principal component regression based genome wide analysis approach reveals the presence of a novel QTL on BTA7 for MAP resistance in Holstein cattle. *Genomics*. 2010;95(3):176-182. <https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2010.01.001>.
3. Wu Y., Fan H., Wang Y., Zhang L., Gao X., Chen Y., Li J., Ren H., Gao H. Genome-wide association studies using haplotypes and individual SNPs in Simmental cattle. *PLoS ONE*. 2014;9(10):e109330. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0109330>.

4. Nelsen T.C., Short R.E., Urick J.J., Reynolds W.L. Heritabilities and genetic correlations of growth and reproductive measurements in Hereford bulls. *Journal of Animal Science*. 1986;63(2):409-417. <https://doi.org/10.2527/jas1986.632409x>.
5. Abdelmanova A.S., Kharzinova V.R., Volkova V.V., Dotsev A.V., Sermyagin A.A., Chinarov R.Y., Zinovieva N.A., Boronetskaya O.I., Lutshikhina E.M., Sölkner J., Brem G. Comparative study of the genetic Diversity of local steppe cattle breeds from Russia, Kazakhstan and Kyrgyzstan by microsatellite analysis of museum and modern samples. *Diversity*. 2021;13(8):351. <https://doi.org/10.3390/d13080351>.
6. Zinovieva N.F., Sermyagin A.A., Dotsev A.V., Boronetskaya O.I., Petrikeeva L.V., Abdelmanova A.S., Brem G. Animal genetic resources: developing the research of allele pool of Russian cattle breeds – minireview. *Sel'skohozyajstvennaya biologiya = Agricultural biology*. 2019;54(4):631-641. (In Russ.). <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2019.4.631rus>.
7. Sermyagin A.A., Bykova O.A., Loretts O.G., Kostyunina O.V., Zinovieva N.A. Genomic variability assess for breeding traits in Holsteinized Russian black-and-white cattle using GWAS analysis and ROH patterns. *Sel'skohozyajstvennaya biologiya = Agricultural biology*. 2020;55(2):257-274. (In Russ.). <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2020.2.257rus>.
8. Snelling W.M., Allan M.F., Keele J.W., Kuehn L.A., McDanel T., Smith T.P.L., Sonstegard T.S., Thallman R.M., Bennett G.L. Genome-wide association study of growth in crossbred beef cattle. *Journal of Animal Science*. 2010;88(3):837-848. <https://doi.org/10.2527/jas.2009-2257>.
9. Northcutt S.L., Wilson D.E. Genetic parameter estimates and expected progeny differences for mature size in Angus cattle. *Journal of Animal Science*. 1993;71(5):1148-1153. <https://doi.org/10.2527/1993.7151148x>.
10. Zinovieva N.A., Dotsev A.V., Sermyagin A.A., Deniskova T.E., Abdelmanova A.S., Kharzinova V.R., Sölkner J., Reyer H., Wimmers K., Brem G. Selection signatures in two oldest Russian native cattle breeds revealed using high-density single nucleotide polymorphism analysis. *PLoS ONE*. 2020;15(11):e0242200. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0242200>.
11. Taye M., Yoon J., Dessie T., Cho S., Oh S.J., Lee H.K., Kim H. Deciphering signature of selection affecting beef quality traits in Angus cattle. *Genes & Genomics*. 2018;40(1):63-75. <https://doi.org/10.1007/s13258-017-0610-z>.
12. Lu D., Miller S., Sargolzaei M., Kelly M., Vander Voort G., Caldwell T., Wang Z., Plastow G., Moore S. Genome-wide association analyses for growth and feed efficiency traits in beef cattle. *Journal of Animal Science*. 2013;91(8):3612-3633. <https://doi.org/10.2527/jas.2012-5716>.
13. Doyle J.L., Berry D.P., Veerkamp R.F., Carthy T.R., Walsh S.W., Evans R.D., Purfield D.C. Genomic regions associated with skeletal type traits in beef and dairy cattle are common to regions associated with carcass traits, feed intake and calving difficulty. *Frontiers in Genetics*. 2020;(11):20. <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.00020>.
14. An B., Xu L., Xia J., Wang X., Miao J., Chang T., Song M., Ni J., Xu L., Zhang L., Li J., Gao H. Multiple association analysis of loci and candidate genes that regulate body size at three growth stages in Simmental beef cattle. *BMC Genetics*. 2020;(21):32. <https://doi.org/10.1186/s12863-020-0837-6>.

15. McClure M.C., Morsci N.S., Schnabel R.D., Kim J.W., Yao P., Rolf M.M., McKay S.D., Gregg S.J., Chapple R.H., Northcutt S.L., Taylor J.F. A genome scan for quantitative trait loci influencing carcass, post-natal growth and reproductive traits in commercial Angus cattle. *Animal Genetics*. 2010;41(6):597-607. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2010.02063.x>.
16. Karim L., Takeda H., Lin L., Druet T., Arias J.A., Baurain D., Cambisano N., Davis S.R., Farnir F., Grisart B., Harris B.L., Keehan M.D., Littlejohn M.D., Spelman R.J., Georges M., Coppieters W. Variants modulating the expression of a chromosome domain encompassing PLAG1 influence bovine stature. *Nature Genetics*. 2011;(43):405-413. <https://doi.org/10.1038/ng.814>.
17. Boitard S., Boussaha M., Capitan A., Rocha D., Servin B. Uncovering adaptation from sequence data: lessons from genome resequencing of four cattle breeds. *Genetics*. 2016;203(1):433-450. <https://doi.org/10.1534/genetics.115.181594>.
18. Fortes M.R.S., Kemper K., Sasazaki S., Reverter A., Pryce J.E., Barendse W., Bunch R., McCulloch R., Harrison B., Bolormaa S., Zhang Y.D., Hawken R.J., Goddard M.E., Lehnert S.A. Evidence for pleiotropism and recent selection in the PLAG1 region in Australian Beef cattle. *Animal Genetics*. 2013;(44):636-647. <https://doi.org/10.1111/age.12075>.
19. Pausch H., Flisikowski K., Jung S., Emmerling R., Edel C., Götz K.U., Fries R. Genome-wide association study identifies two major loci affecting calving ease and growth-related traits in cattle. *Genetics*. 2011;187(1):289-297. <https://doi.org/10.1534/genetics.110.124057>.
20. Abdelmanova A.S., Kharzinova V.R., Volkova V.V., Mishina A.I., Dotsev A.V., Sermyagin A.A., Boronetskaya O.I., Petrikeeva L.V., Chinarov R.Y., Brem G., Zinovieva N.A. Genetic diversity of historical and modern populations of Russian cattle breeds revealed by microsatellite analysis. *Genes*. 2020;11(8):940. <https://doi.org/10.3390/genes11080940>.

Вклад авторов: Надежда В. Чимидова принимала непосредственное участие при проведении тестов и иммуногенетических исследований крупного рогатого скота калмыцкой породы; Людмила Г. Моисейкина и Баатр К. Болаев консультировали по генетическим исследованиям калмыцкого скота и осуществляли общее руководство в выполнении работы и подготовке рукописи; Алтана В. Убушиева проводила лабораторные анализы в процессе молекулярно-генетических исследований и обработку полученных данных. Авторы в равной степени участвовали в написании рукописи и несут ответственность за плагиат и самоплагиат.

Author's contribution: Nadezhda V. Chimidova was directly involved in tests and immunogenetic studies of Kalmyk cattle breed; Lyudmila G. Moiseikina and Baatr K. Bolaev advised on the genetic studies of Kalmyk cattle and provided general guidance in the performance of the work and preparation of the manuscript; Altana V. Ubushieva conducted laboratory analyzes in the process of molecular genetic research and processed the data obtained. The authors were equally involved in writing the manuscript and are responsible for plagiarism and self-plagiarism.

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

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

Информация об авторах (за исключением контактного лица):

Моисейкина Людмила Гучаевна – профессор кафедры биотехнологии и животноводства, аграрный факультет, Калмыцкий государственный университет им. Б.Б. Городовикова; 358011, Россия, Республика Калмыкия, Элиста, 5 микрорайон, комплекс КГУ, строение 3, учебный корпус № 4; e-mail: turdumarovbm@mail.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1927-7144>;

Болаев Баатр Канурович – профессор кафедры биотехнологии и животноводства, аграрный факультет, Калмыцкий государственный университет им. Б.Б. Городовикова; 358011, Россия, Республика Калмыкия, Элиста, 5 микрорайон, комплекс КГУ, строение 3, учебный корпус № 4; e-mail: kanur64@mail.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-8210-9971>;

Убушиева Алтана Вадимовна – специалист лаборатории молекулярных исследований Регионального научно-производственного центра по воспроизводству сельскохозяйственных животных, Калмыцкий государственный университет им. Б.Б. Городовикова; 358011, Россия, Республика Калмыкия, Элиста, 5 микрорайон, комплекс КГУ, строение 3, учебный корпус № 4; e-mail: ameli-altanas@mail.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9916-7972>.

Information about the authors (except for the contact person):

Lyudmila G. Moiseikina – Professor, Department of Biotechnology and Animal Husbandry, Faculty of Agriculture, Kalmyk State University named after B.B. Gorodovikov; educational building no. 4, building 3, complex KSU, microdistrict 5, Elista, Republic of Kalmykia, 358011, Russian Federation; e-mail: turdumatovbm@mail.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1927-7144>;

Baatr K. Bolaev – Professor, Department of Biotechnology and Animal Husbandry, Faculty of Agriculture, Kalmyk State University named after B.B. Gorodovikov; educational building no. 4, building 3, complex KSU, microdistrict 5, Elista, Republic of Kalmykia, 358011, Russian Federation; e-mail: kanur64@mail.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-8210-9971>;

Altana V. Ubushieva – Specialist of the Laboratory of Molecular Research of the Regional Research and Production Center for the Reproduction of Farm Animals, Kalmyk State University named after B.B. Gorodovikov; educational building no. 4, building 3, complex KSU, microdistrict 5, Elista, Republic of Kalmykia, 358011, Russian Federation; e-mail: ameli-altanas@mail.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9916-7972>.

Статья поступила в редакцию / *The article was submitted*: 24.05.2022;
одобрена после рецензирования / *approved after reviewing*: 22.06.2022;
принята к публикации / *accepted for publication*: 24.06.2022