

ЗООТЕХНИЯ

УДК 636.4.082.4

doi: 10.30766/2072-9081.2018.66.5.104-109

Полиморфизм тРНК^{Leu} и тРНК^{Ser} митохондриальной ДНК свиней различных пород*

М.А. Колосова¹, Л.В. Гетманцева², Н.Ф. Бакоев^{1,2}, А.Ю. Колосов¹

¹ФГБОУ ВО «Донской государственный аграрный университет», пос. Персиановский, Ростовская область, Российская Федерация,

²ФГБНУ «Федеральный научный центр животноводства – ВИЖ имени А.К. Эрнста», пос. Дубровицы, Московская область, Российская Федерация

Анализ последовательности митохондриальной ДНК (мтДНК), имеющей материнский характер наследования, служит эффективным способом оценки индивидуальных особенностей коммерческих линий. В работе проведен анализ варибельности последовательностей генов тРНК^{Ser} и тРНК^{Leu} мтДНК у свиней различных пород. В качестве объектов исследования были выбраны гены мтДНК тРНК^{Leu1}, тРНК^{Leu2}, tRNA^{Ser1}, tRNA^{Ser2}. Для изучения последовательностей из базы National Center for Biotechnological Information (NCBI) были выбраны данные по свиньям различных пород. Выравнивание нуклеотидных последовательностей проводили с использованием программы BioEdit. Анализ последовательностей показал наличие полиморфизмов во всех изучаемых генах. Всего установлено шесть полиморфных сайтов, которые представлены транзигциями. Анализ гена тРНК^{Leu1} показал наличие замены А/Г в позиции 3892 п.н. у свиней китайской селекции породы Wuzhishan и свиней японской селекции Luchuan, а также замены С/Т в позиции 3907 п.н. у шведского дикого кабана. По гену тРНК^{Leu2} у большинства исследуемых пород отмечено одновременное присутствие двух транзигций в позиции 12879 п.н., что обуславливает замену А/Г и в позиции 12883 п.н. и соответствует замене С/Т. В результате исследований по гену тРНК^{Ser1} установлено наличие одной транзигции А/Г в позиции 8103 п.н. у свиней крупной белой породы корейской селекции. Полиморфизм гена тРНК^{Ser2} представлен транзигцией Т/С в позиции 12838 п.н. у итальянского дикого кабана. Наибольшее количество полиморфизмов встречалось у свиней крупной белой породы корейской и китайской селекции, а также у представителей итальянского дикого кабана. Изучение полиморфизма мтДНК племенных свиней позволит установить возможные ассоциативные связи и разработать мтДНК-маркеры, которые могут быть использованы в программах по совершенствованию и созданию племенных ресурсов в свиноводстве.

Ключевые слова: свиньи, мтДНК, последовательность, тРНК^{Leu1}, тРНК^{Leu2}, тРНК^{Ser1}, тРНК^{Ser2}

Исследования полиморфизма ядерной и митохондриальной ДНК (мтДНК) позволяют вскрывать уникальные биологические особенности пород и линий свиней и разрабатывать методы селекции с использованием молекулярно-генетической информации. Митохондриальная ДНК значительно меньше ядерной по размерам и кодирует всего несколько десятков биологических макромолекул [1]. У свиней мтДНК представляет собой кольцевую молекулу, состоящую в среднем из 16,5 тыс. п.н. В состав мтДНК входят 37 генов: 13 для белков дыхательной цепи, 22 для тРНК и два рРНК (16S рРНК и 12S рРНК), а также наиболее варибельная область – D-петля [2].

Мутации в митохондриальных генах, в частности тРНК, часто приводят к развитию наследственных заболеваний у людей. В научной литературе постоянно появляются все новые и новые работы, описывающие ранее не идентифицированные мутации в ДНК мито-

хондрий и их связи с клиническими симптомами [3]. Получены положительные результаты при оценке ассоциативных связей между варибельностью мтДНК и продуктивными качествами с.-х. животных [4].

По своей природе мтДНК консервативна, относительно ядерной ДНК, что делает ее более привлекательной при исследовании генетической структуры породы и линии свиней, а также при поиске мтДНК-маркеров, ассоциированных с селекционными признаками свиней. Несмотря на то, что митохондриальный геном свиньи отличается от ядерного значительно меньшим размером в нем присутствуют два гена лейциновой и сериновой тРНК (Leu и Ser или тРНК^{Ser} и тРНК^{Leu} соответственно). В связи с этим интерес представляет поиск мутаций в этих генах у свиней различных пород.

Цель исследований – изучить варибельность генов тРНК^{Ser} и тРНК^{Leu} у свиней различных пород.

*Работа выполнена с использованием средств гранта Президента Российской Федерации для государственной поддержки молодых российских ученых-кандидатов наук - договор № МК-1443.2018.11

Материал и методы. В качестве объектов исследования были выбраны гены мтДНК тРНК^{Leu1}, тРНК^{Leu2}, tRNA^{Ser1}, tRNA^{Ser2}. Для изучения последователь-

ностей из базы National Center for Biotechnological Information (NCBI) были выбраны данные по свиньям различных пород (табл.).

Таблица

Позиции генов тРНК митохондриальной ДНК у свиней различных пород

Номер GenBank	Порода	mPHK ^{Leu1}	mPHK ^{Leu2}	mPHK ^{Ser1}	mPHK ^{Ser2}	Автор
AF304200.1	Chinese Meishan	2605...2679	11624...11693	6894...6961	11565...11623	[2]
AF486874.1	Large White	2605...2679	11624...11693	6886...6818	11564...11622	[3]
KM275217	Luchuan	3944...4018	11625...11694	8228...8158	11566...11624	[4]
EU333163.1	Chinese northeast wildboar	3815...3889	12835...12904	8099...8029	12776...12834	[9]
AF304201.1	Italian wild boar	2605...2679	11625...11694	6819...6887	11566...11624	[2]
EU117375.1	Iberian	2670...2744	11690...11759	6952...6884	11631...11689	[10]
AF304203.1	Swedish wild boar	2605...2679	11625...11694	6819...6887	11566...11624	[2]
AF486868.1	Chinese Yimenghei	2605...2679	11623...11692	6885...6817	11564...11622	[3]
AF486867.1	Chinese Wuzhishan	2606...2680	11624...11693	6886...6818	11565...11623	[3]
AF486858.1	Duroc	2605...2679	11624...11693	6886...6818	11565...11623	[3]
AF486859.1	Chinese Xiang	2606...2680	11625...11694	6887...6819	11566...11624	[3]
AF486856.1	Chinese Zang	2605...2679	11624...11693	6886...6818	11565...11623	[3]
AF486855.1	Chinese Zhong Meishan	2607...2681	11626...11695	6888...6820	11567...11625	[3]
AY574048.1	Large White	3783...3857	12791...12860	7986...8055	12732...12790	[5]
AF486866.1	Landerace	2605...2679	11624...11693	6886...6818	11565...11623	[3]
KM998967.1	Meishan	3942...4016	12962...13031	8226...8156	12903...12961	[4]
JN601071.1	Meishan	2669...2743	11689...11758	6883...6951	11630...11688	[6]
KJ746666.1	Mangalica	2669...2743	11689...11758	6883...6951	11630...11688	[7]
JN601069.1	Mangalitsa swallow belly	2669...2743	11689...11758	6883...6951	11630...11688	[7]
MF183224.1	Swallow-belly Mangalica	2668...2742	11688...11757	6882...6950	11629...11687	[8]

В качестве референсной последовательности были взяты данные свиней крупной белой породы, представленные в NCBI под номером NC 000845.1 (*Sus scrofa*). Выравнивание нуклеотидных последовательностей проводили с использованием программы BioEdit.

Результаты и их обсуждение. Большинство исследователей установлено, что транспортная тРНК^{Leu1} находится в пределах 2605...2679 п.н. [2-3] и незначительно варьируется у свиней различных пород (табл.). Так, Ran и Chen у свиней Luchuan японской селекции установили позицию гена в пределах 3944...4018 п.н., у свиней Meishan в области 3942...4016 п.н. [4]. Cho, Park и Jeon у свиней крупной белой породы корейской селекции определили позицию в пределах 3783...3857 п.н., у китайского северо-восточного кабана порядка 3815...3889 п.н. [5]. Cannon с соавторами определили позицию тРНК^{Leu1} у свиней пород Meishan, Mangalitsa swallow belly в пределах 2669...2743 п.н. [6]. Аналогичные данные получены Zhang с соавторами

и Frank с соавторами при изучении свиней Mangalica [7] и Swallow-belly Mangalica [8].

Анализируя данные по гену тРНК^{Leu2}, можно отметить, что в большинстве случаев он локализован в интервале 11624...11693 п.н. Однако Yu, Li и Liu, изучая митохондриальный геном китайского северо-восточного кабана, установили позицию в пределах 12835...12904 п.н. [9]. Cho, Park и Jeon при изучении свиней крупной белой породы корейской селекции позицию определили в пределах 12791...12860 п.н. [5]. Cannon с соавторами, Zhang с соавторами и Frank с соавторами, анализируя мтДНК пород свиней Meishan, Mangalitsa swallow belly [6], Mangalica [7] и Swallow-belly Mangalica [8], определили позицию в интервале 11688...11757 п.н.

Транспортная тРНК^{Ser1} у многих авторов определена в пределах 6883...6951 п.н. [3, 6, 7, 8], однако, имеются и другие результаты. Kijas и Andersson у пород свиней Chinese Meishan определили позицию в пределах 6894...6961 п.н. [2]. Ran and Chen для свиней Luchuan япон-

ской селекции и свиней породы Meishan установили позицию в пределах 8226...8158 п.н. [4]. Другие авторы указывают позицию у китайского северо-восточного кабана 8099...8029 п.н. [9], иберийских свиней 6952...6884 п.н. [10], свиней крупной белой породы корейской селекции 7986...8055 п.н. [5]. Kijas and Andersson отмечали у итальянского и шведского дикого кабана позицию $\text{тРНК}^{\text{Ser1}}$ в пределах 6819...6887 п.н. [2].

При изучении гена $\text{тРНК}^{\text{Ser2}}$ у большинства свиней в выборке позиция гена установлена в пределах 11567...11625 п.н. [2, 3, 4]. Alves с соавторами установили позицию, которая имеет незначительные отличия у иберийских свиней 11631...11689 п.н. [10]. Также среди авторов встречаются другие позиции. Yu, Li and Liu у китайского северо-восточного кабана определили позицию 12776...12834 п.н. [9]. Cho, Park и Jeon у свиней корейской селекции определили позицию на уровне 12732...12790 п.н.

[5]. Ran и Chen установили локализацию гена в пределах 12903...12961 п.н. [4].

Общая длина мтДНК зависит от тендемных повторов, в связи с этим мы можем наблюдать небольшие смещения в позициях генов мтДНК. Несмотря на это, позиции генов во всех случаях имеют одинаковую протяженность. В результате анализа установлено, что $\text{тРНК}^{\text{Leu1}}$ во всех породах составляет 74 п.н., $\text{тРНК}^{\text{Leu2}}$ – 69 п.н., $\text{тРНК}^{\text{Ser1}}$ – 68 п.н. и $\text{тРНК}^{\text{Leu2}}$ – 58 п.н.

В результате изучения вариабельности нуклеотидной последовательности по гену $\text{тРНК}^{\text{Leu1}}$ относительно референсной популяции установлено наличие полиморфизма у свиней породы Wuzhishan китайской селекции, Luchuan японской селекции, шведского дикого кабана. Были определены две замены: А/Г в позиции 3892 п.н у свиней китайской селекции породы Wuzhishan и свиней японской селекции Luchuan, а также С/Т в позиции 3907 п.н у шведского дикого кабана (рис. 1).

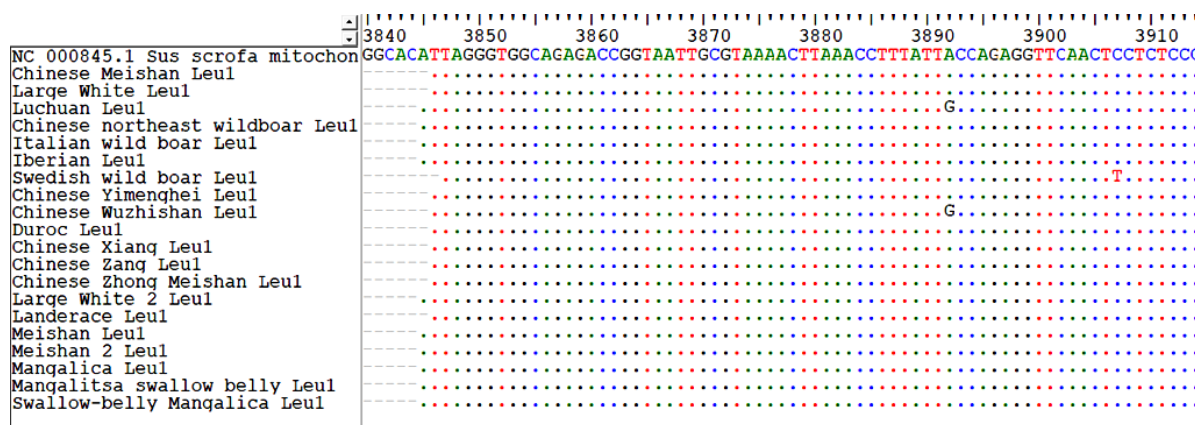
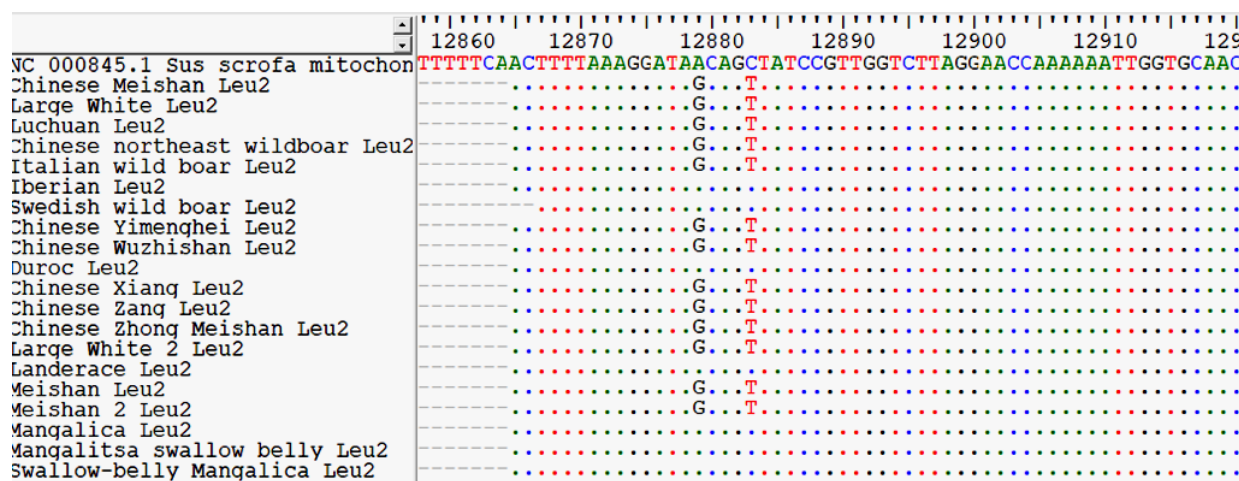
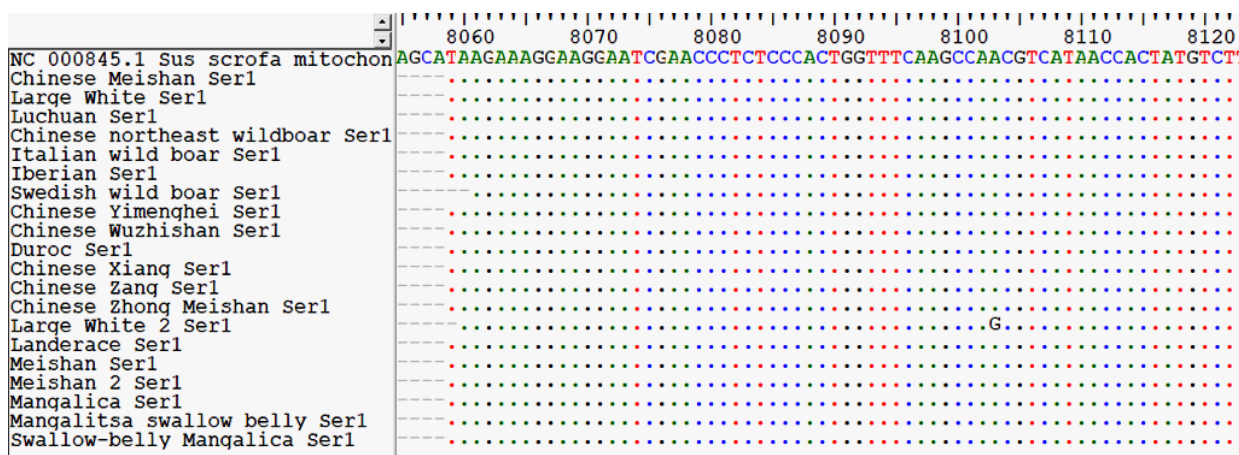


Рис. 1. Последовательность $\text{тРНК}^{\text{Leu1}}$ у свиней различных пород

Анализ нуклеотидных последовательностей различных пород свиней в области гена $\text{тРНК}^{\text{Leu2}}$ относительно референсной последовательности показал наличие полиморфных сайтов (рис. 2). У большинства исследуемых пород отмечено одновременное присутствие двух транзиций (замены между пуриновыми и пиримидиновыми основаниями). Полиморфизмы отмечены в позиции 12879 п.н., что обуславливает замену А/Г и в позиции 12883 п.н., что соответствует замене С/Т. Из наиболее распространённых пород, в которых присутствуют одновременно две замены, можно отметить свиней крупной белой породы корейской селекции, однако, у свиней китайской селекции полиморфизма не установлено. Возможно, это связано с различиями в селекционных стратегиях, направленных на формирование племенного материала.

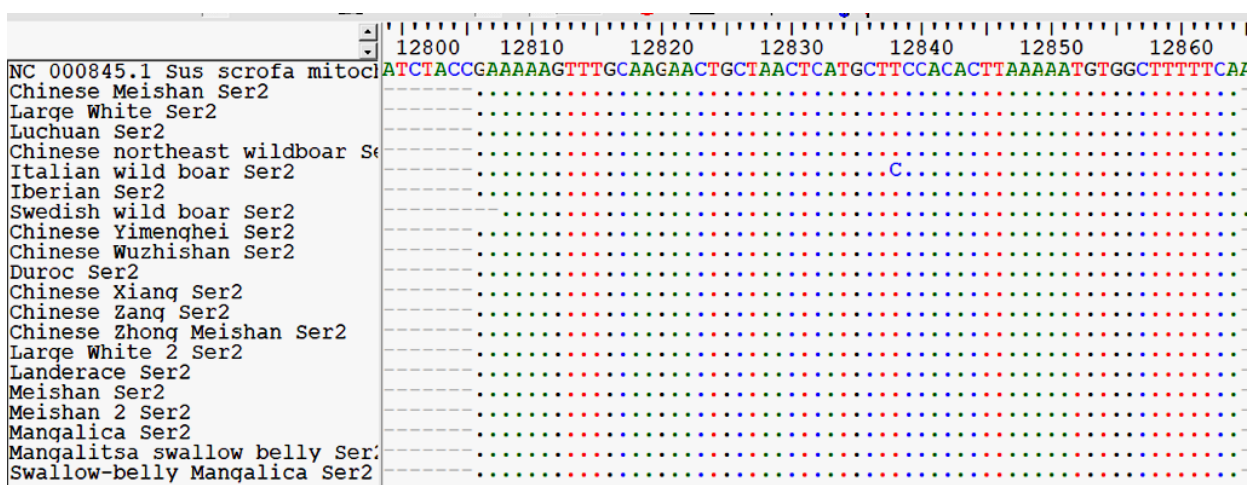
Ранее нами были проведены молекулярно-генетические исследования по изучению вариабельности нуклеотидной последовательности генов тРНК мтДНК у свиней пород ландрас и крупная белая. Полиморфные сайты были определены в последовательности тРНК^{Leu} мтДНК и установлены замены Г/А и Т/С. На основе полученных результатов мы предположили, что установленный полиморфизм в тРНК^{Leu} мтДНК имеет породоспецифический характер и может рассматриваться как один из критериев при оценке генетической структуры породы и линии свиней.

При изучении $\text{тРНК}^{\text{Ser1}}$ установлено наличие одной замены А/Г в позиции 8103 п.н. у свиней крупной белой породы корейской селекции (рис. 3). У 19 других пород относительно референсной популяции полиморфизма по гену $\text{тРНК}^{\text{Ser1}}$ установлено не было.

Рис. 2. Последовательность тРНК^{Leu2} у свиней различных породРис. 3. Последовательность тРНК^{Ser1} у свиней различных пород

Анализ нуклеотидных последовательностей различных пород свиней в области гена тРНК^{Ser2} относительно референсной последовательности показал наличие одного поли-

морфного сайта у итальянского дикого кабана. Полиморфизм представлен заменой Т/С в позиции 12838 п.н. (рис. 4).

Рис. 4. Результаты выравнивания последовательностей тРНК^{Ser2} у свиней различных пород

Выводы. В результате проведенного анализа была изучена вариабельность генов мтДНК $tRNK^{Leu1}$, $tRNK^{Leu2}$, $tRNA^{Ser1}$, $tRNA^{Ser2}$ у свиней различных пород относительно референсной популяции. Анализ последовательностей показал наличие полиморфизмов во всех изучаемых генах. Всего установлено шесть полиморфных сайтов, которые представлены транзигиями. Анализ гена $tRNK^{Leu1}$ показал наличие замены А/Г в позиции 3892 п.н. у свиней китайской селекции породы Wuzhishan и свиней японской селекции Luchuan, а также замены С/Т в позиции 3907 п.н. у шведского дикого кабана. По гену $tRNK^{Leu2}$ у большинства исследуемых пород отмечено одновременное присутствие двух транзигий в позиции 12879 п.н., что обуславливает замену А/Г и в позиции 12883 п.н и соответствует замене С/Т соответственно. В результате исследований по гену $tRNK^{Ser1}$ установлено наличие одной транзигии А/Г в позиции 8103 п.н. у свиней крупной белой породы корейской селекции. Полиморфизм гена $tRNK^{Ser2}$ представлен транзигией Т/С в позиции 12838 п.н. у итальянского дикого кабана.

Наибольшее количество полиморфизмов встречалось у свиней крупной белой породы корейской и китайской селекции, а также у представителей итальянского дикого кабана.

Полученные данные свидетельствуют о возможности проведения дальнейших исследований митохондриального генома с.х. животных и будут способствовать более детальному изучению его структуры и разработке мтДНК-маркеров.

Список литературы

1. Getmantseva L., Kolosov A., Leonova M., Bakoev S., Klimenko A., Radyuk A., Vaselenko V., Bakoev N., Usatov A., Makarenko M. Polymorphisms in obesity-related leptin gene and its association with reproductive traits of sows. *Bulgarian Journal of Agricultural Science*. 2017. Т. 23. № 5. С. 843-850.

Сведения об авторах:

Колосова Мария Анатольевна¹, кандидат с.-х. наук, старший научный сотрудник, e-mail: m.leonovaa@mail.ru, ORCID ID 0000-0003-2979-7108,

Гетманцева Любовь Владимировна², кандидат с.-х. наук, ведущий научный, e-mail: ilonaluba@mail.ru, ORCID ID 0000-0003-1868-3148,

Бакоев Некруз Фарходович², младший научный сотрудник, e-mail: nekruz82@bk.ru, ORCID ID 0000-0002-0324-3580,

Колосов Анатолий Юрьевич¹, кандидат с.-х. наук, доцент, e-mail: kolosov777@gmail.com, ORCID ID 0000-0002-6583- 8942

¹ФГБОУ ВО "Донской государственный аграрный университет", ул. Кривошлыкова, 24, поселок Персиановский, Октябрьский (с) район, Ростовская область, Российская Федерация, 346493, e-mail: dongau@mail.ru

²ФГБНУ «Федеральный научный центр животноводства – ВИЖ имени Л.К. Эрнста», д. 60, пос. Дубровицы, Городской округ Подольск, Московская область, Российская Федерация, 142132, e-mail: priemnaya-vij@mail.ru,

2. Kijas J.M. and Andersson L. A phylogenetic study of the origin of the domestic pig estimated from the near-complete mtDNA genome *J. Mol. Evol.* 52 (3), 302-308 (2001).

3. Yang J., Wang J., Kijas J., Liu B., Han H., Yu M., Yang H., Zhao S. and Li K. Genetic diversity present within the near-complete mtDNA genome of 17 breeds of indigenous Chinese pigs *J. Hered.* 94 (5), 381-385 (2003).

4. Ran M., Chen B. The complete sequence of the mitochondrial genome of Luchuan pig (*SusScrofa*) Submitted (07-AUG-2014). Department of Animal Genetics and Breeding, College of Animal Science and Technology, Furong District, Changsha, Hunan 410128, China. P. 2071-2072.

5. Cho I.C., Park J.J., Jeon J.T. The complete sequence of mitochondrial DNA of Berkshire (*Sus scrofa*). Unpublished work. National Institute of Subtropical Agriculture; R.D.A., 1696, Odeung dong, Jeju 690-150, South Korea: 2004.

6. Cannon M.V., Brandebourg T.D., Kohn M.C., Ethikic D., Irwin M.H., Pinkert C.A. Mitochondrial DNA sequence and phylogenetic evaluation of geographically disparate *Sus scrofa* breeds *Anim. Biotechnol.* 26 (1), 17-28 (2015).

7. Zhang D., Liu D., Zhang X. The distribution and relationship of China domestic pig Submitted (25-APR-2014) Animal Science, Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Xuefu Road 368, Harbin, Heilongjiang 150086, China. Available at: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/JN601069.1> (accessed: 25.05.2018).

8. Frank K., Molnar J., Barta E., Marincs F. The full mitochondrial genomes of Mangalica pig breeds and their possible origin // *Mitochondrial DNA Part B Mitochondrial DNA Part B*. Vol. 2. pp 730-734. DOI: 10.1080/23802359.2017.1390415.

9. Yu H., Li L., Liu D. Phylogeography of Boar based on mtDNA evolution Submitted (08-DEC-2007) Animal Science and Technology College, Northeast Agricultural University, 59 Mucai Street, Harbin, Heilongjiang 150030, China. Available at: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/EU333163.1> (accessed: 4.06.2018).

10. Alves E., Fernandez A.I., Ovilo C., Fernandez A., Rodriguez C., Sileo L. Variation in mtDNA Iberian breed Submitted (23-AUG-2007) Mejora Genetica Animal, INIA, Ctra de la Coruna Km7, Madrid 28040, Spain. Available at: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/EU117375.1> (accessed: 5.06.2018).

Mitochondrial DNA tRNA^{Leu} and tRNA^{Ser} polymorphism in different pig breeds**M.A. Kolosova¹, L.V. Getmantseva², N.F. Bakoev², A.Yu. Kolosov¹**¹*Don State Agrarian University, Persianovsky settlement, Rostov region, southern Federal district, Russian Federation,*²*Federal Science Center for Animal Husbandry named after Academy Member L.K. Ernst, Dubrovitsy settlement, Moscow region, Russian Federation*

Analysis of the sequence of mitochondrial DNA (mtDNA), which has a maternal nature of inheritance, is an effective way of assessing the individual characteristics of commercial lines. The analysis of the sequence variability of the mtDNA tRNA^{Ser} and tRNA^{Leu} genes in different pig breeds was carried out. The mtDNA tRNA^{Leu1}, tRNA^{Leu2}, tRNA^{Ser1}, tRNA^{Ser2} genes were chosen as the study objects. For the study of the sequences, data on pigs of different breeds were selected from the National Center for Biotechnological Information (NCBI). The sample group included 20 animals. Alignment of nucleotide sequences was performed using the BioEdit program. Sequence analysis showed the presence of polymorphisms in all studied genes. A total of six polymorphic sites are established, which are represented by transitions. Analysis of the gene tRNA^{Leu1} showed the presence of A3892G substitution. The polymorphism A3892G in the Wuzhishan and Luchuan pigs was determined in the tRNA^{Leu1} gene, and polymorphism C3907T was determined in the Swedish wild boar. Many of the pigs studied had a simultaneous presence of two A12879G and C12883T transitions in the tRNA^{Leu2} gene. One transition of A8103G in the tRNA^{Ser1} gene was established in Large White pigs of Korean breeding. The polymorphism of the tRNA^{Ser2} gene is represented by the translation of T12838C into the Italian wild boar. The highest number of polymorphisms was determined in Large White of Korean and Chinese breeding, as well as in the Italian wild boar. The study of mtDNA polymorphism will allow to establish associative links and develop mtDNA markers that can be used in programs for improving and creating breeding resources in pig breeding.

Key words: *swine, mtDNA, sequence, tRNA^{Leu1}, tRNA^{Leu2}, tRNA^{Ser1}, tRNA^{Ser2}*

Reference

1. Getmantseva L., Kolosov A., Leonova M., Bakoev S., Klimenko A., Radyuk A., Vaselenko V., Bakoev N., Usatov A., Makarenko M. Polymorphisms in obesity-related leptin gene and its association with reproductive traits of sows. *Bulgarian Journal of Agricultural Science*. 2017. T. 23. № 5. С. 843-850.
2. Kijas J.M., Andersson L. A phylogenetic study of the origin of the domestic pig estimated from the near-complete mtDNA genome *J. Mol. Evol.* 52 (3), 302-308 (2001).
3. Yang J., Wang J., Kijas J., Liu B., Han H., Yu M., Yang H., Zhao S. and Li K. Genetic diversity present within the near-complete mtDNA genome of 17 breeds of indigenous Chinese pigs *J. Hered.* 94 (5), 381-385 (2003).
4. Ran M., Chen B. The complete sequence of the mitochondrial genome of Luchuan pig (*Sus Scrofa*) Submitted (07-AUG-2014). Department of Animal Genetics and Breeding, College of Animal Science and Technology, Furong District, Changsha, Hunan 410128, China. pp. 2071-2072.
5. Cho I.C., Park J.J., Jeon J.T. The complete sequence of mitochondrial DNA of Berkshire (*Sus scrofa*). Unpublished work. National Institute of Subtropical Agriculture; R.D.A., 1696, Odeung dong, Jeju 690-150, South Korea: 2004.
6. Cannon M.V., Brandebourg T.D., Kohn M.C., Ethikic D., Irwin M.H., Pinkert C.A. Mitochondrial DNA sequence and phylogenetic evaluation of geographically disparate *Sus scrofa* breeds *Anim. Biotechnol.* 26 (1), 17-28 (2015).
7. Zhang D., Liu D., Zhang X. The distribution and relationship of China domestic pig Submitted (25-APR-2014) *Animal Science*, Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Xuefu Road 368, Harbin, Heilongjiang 150086, China. Available at: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/JN601069.1> (accessed: 25.05.2018).
8. Frank K., Molnar J., Barta E., Marincs F. The full mitochondrial genomes of Mangalica pig breeds and their possible origin // *Mitochondrial DNA Part B Mitochondrial DNA Part B*. Vol. 2. pp 730-734. DOI: 10.1080/23802359.2017.1390415.
9. Yu H., Li L., Liu D. Phylogeography of Boar based on mtDNA evolution Submitted (08-DEC-2007) *Animal Science and Technology College*, Northeast Agricultural University, 59 Mucai Street, Harbin, Heilongjiang 150030, China. Available at: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/EU333163.1> (accessed: 4.06.2018).
10. Alves E., Fernandez A.I., Ovilo C., Fernandez A., Rodriguez C., Sileo L. Variation in mtDNA Iberian breed Submitted (23-AUG-2007) *Mejora Genetica Animal*, INIA, Ctra de la Coruna Km7, Madrid 28040, Spain. Available at: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/EU117375.1> (accessed: 5.06.2018).

Information about the authors:

M.A. Kolosova¹, PhD in Agriculture, senior researcher, L.V. Getmantseva², PhD in Agriculture, leading researcher, N.F. Bakoev², junior researcher, A.Yu. Kolosov¹, PhD in Agriculture, associate professor

Don State Agrarian University, Krivoshlykova street, 24, persianovsky settlement, Oktyabrsky (C) district, Rostov region, southern Federal district, Russian Federation, 346493, e-mail: dongau@mail.ru,

²Federal Science Center for Animal Husbandry named after Academy Member L.K. Ernst, h. 60, Dubrovitsy settlement, Podolsk City district, Moscow region, Russian Federation, 142132, e-mail: priemnaya-vij@mail.ru