

---

ЗООТЕХНИЯ, БИОЛОГИЯ И ВЕТЕРИНАРНАЯ МЕДИЦИНА

---

**Генетические аспекты комолости у овец (обзор)**

**Марина Ивановна Селионова<sup>1</sup>✉, Дарья Дмитриевна Евлагина<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>Российский государственный аграрный университет –  
МСХА имени К.А. Тимирязева, Москва, Россия

<sup>2</sup>Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр,  
Михайловск, Ставропольский край, Россия

✉ **Автор, ответственный за переписку:** selionova@rgau-msha.ru

**Аннотация**

Анализ основного генетического механизма наличия или отсутствия рогов интересен как с точки зрения понимания эволюционных процессов, так и с точки зрения экономической выгоды разведения комолых животных. Во многих странах развитого овцеводства в последние годы одним важных селекционных признаков является создание комолых пород овец, поскольку доказаны большая технологичность при их разведении и меньшие затраты кормов при получении продукции. Картирование генетической изменчивости с конкретным локусом-кандидатом позволяет наиболее точно оценить влияние отдельных аллелей, связь между генотипом и фенотипом рогатости и комолости. В статье представлен анализ современного состояния исследований, направленных на поиск генов и геномных регионов комолости у овец и возможности использования геномного подхода в селекционных программах по выведению комолых пород. Показано, что механизм наследования комолости сложен, поскольку формирование этого признака различается между породами и ни одна генетическая модель с одним локусом с полной пенетрантностью не может объяснить его фенотипическую изменчивость как внутри пород, так и между ними. Продемонстрировано, что ген-маркер *RXFP2* (рецептор 2 релаксина/инсулиноподобного семейства пептидов) перспективен для дальнейшего изучения у разных пород с целью его использования в селекционных программах. Для наиболее полного понимания механизма влияния различных аллелей *RXFP2* на морфологию рогов, а также для получения комолых животных перспективными являются методы геномного редактирования и транскриптомного анализа. Накопление новых знаний в данной области позволит сформировать наиболее полное представление о генетических механизмах фенотипа комолости у овец.

**Ключевые слова**

Овцы, рога, комолые животные, ген, *RXFP2*

**Благодарности**

Работа выполнена в рамках проекта «Научный фронт» по государственной программе поддержки университетов «Приоритет-2030» (тема «Генетические технологии и биотехнологические методы в селекции, питании и обеспечении благополучия животных для повышения эффективности животноводства»).

**Для цитирования**

Селионова М.И., Евлагина Д.Д. Генетические аспекты комолости у овец (обзор) // *Известия Тимирязевской сельскохозяйственной академии*. 2025. № 3. С. 151–166.

## Genetic aspects of polledness in sheep (review)

Marina I. Selionova<sup>1</sup>✉, Daria D. Evlagina<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Russian State Agrarian University – Moscow Timiryazev Agricultural Academy, Moscow, Russia

<sup>2</sup>North Caucasian Federal Scientific Agrarian Center, Mikhailovsk, Stavropol Krai, Russia

✉Corresponding author: selionova@rgau-msha.ru

### Abstract

The analysis of the genetic mechanisms underlying the presence or absence of horns is of interest both for understanding evolutionary processes and for realizing the economic benefits of breeding polled animals. The creation of polled sheep breeds has become an important breeding goal in many countries with developed sheep breeding industries, as these breeds are more technologically efficient to manage and require less feed. Mapping genetic variability to specific candidate loci allows the most accurate assessment of the influence of individual alleles and the genotype-phenotype relationship of hornedness and polledness. This review analyzes the current state of research aimed at identifying genes and genomic regions associated with polledness in sheep, and explores the potential of using genomic approaches in breeding programs for polled breeds. The inheritance of polledness is complex, as its expression differs between sexes, and no single-locus model with complete penetrance can fully explain the observed phenotypic variability within and between breeds. The *RXFP2* (relaxin/insulin-like family peptide receptor 2) marker gene is shown to be promising for further study in different breeds for use in breeding programmes. Genome editing and transcriptome analysis are promising approaches to fully understand the mechanism by which different *\*RXFP2\** alleles influence horn morphology and to develop polled animals. Accumulating knowledge in this area will enable a more complete understanding of the genetic mechanisms underlying the polled phenotype in sheep.

### Keywords

Sheep, horns, polled animals, gene, *RXFP2*

### Acknowledgments

The work was carried out within the framework of the project “Scientific Frontier” under the State Program for Supporting Universities “Priority 2030” (topic: “Genetic technologies and biotechnological methods in selection, nutrition and ensuring animal welfare to improve the efficiency of animal husbandry”).

### For citation

Selionova M.I., Evlagina D.D. Genetic aspects of polledness in sheep (review). *Izvestiya of Timiryazev Agricultural Academy*. 2025. No. 3. P. 151–166.

## Введение Introduction

Широкая фенотипическая изменчивость и большое биоразнообразие овец после их одомашнивания, возникшие в результате целенаправленного формирования фенотипических признаков, повлекли изменения в их геноме, затронувшие от одного до нескольких тысяч нуклеотидов. Развитие методов генетики позволило секвенировать геном овец и исследовать гены, определяющие большинство фенотипических показателей, что предоставило знания о генетическом детерминизме целого ряда

хозяйственно-значимых признаков. Важность выявления и понимания геномных изменений, лежащих в основе фенотипической изменчивости овец, предопределялась необходимостью целенаправленного селекционного давления для дальнейшего изменения экономически важных признаков в соответствии с изменяющимися запросами человека [27, 41]. Одним из таких признаков является комолость. Получение комолых особей является приоритетным для рогатых видов сельскохозяйственных животных, к которым относятся овцы, и определение генетического механизма формирования признака рогатости/безрогости представляет интерес с точки зрения как разведения продуктивных животных, так и эволюционных процессов [41].

В естественных популяциях наличие рогов у животных служит в двух основных целях: во-первых, они выполняют защитную функцию от хищников, во-вторых, определяют доминирование самца в стаде. В отдельных случаях наличие рогов может быть связано с некоторыми физиологическими функциями [27, 38]. Так, исследования, проведенные М.Р. Робинсоном и соавт. на дикой популяции овец (*Ovis aries*) Soay (сойские овцы) острова Хирга (архипелаг Сент-Килд, Шотландия), показали взаимосвязь наличия/отсутствия рогов с продолжительностью жизни и воспроизводительными качествами [36]. В другом исследовании, выполненном К. Пикард с коллегами, продемонстрировано, что рога являются составной частью сложного процесса терморегуляции у некоторых популяций овец, коз, крупного рогатого скота и бизонов [34].

В то же время с точки зрения современного производства продукции овцеводства, наличие рогов у овец является экономически нецелесообразным. С одной стороны, они затрудняют работу по обслуживанию стада и представляют определенную угрозу не только для человека, но и для самих животных, с другой стороны, на их рост требуются дополнительные питательные вещества. Подтверждением этого служат данные о предпочтении разведения комолых овец при производстве баранины. Так, исследования, проведенные Ф.Р. Фейзуллаевым и соавт., показали, что одиночные комолые баранчики от рождения и до убоя в 6,5-месячном возрасте превосходили рогатых сверстников по показателям среднесуточного прироста на 11,0%, по убойной массе – на 12,9%, а также по массе туши на 12,7% ( $p \leq 0,01$ ). На основании полученных данных авторы пришли к выводу о том, что между комолостью и мясной продуктивностью у баранчиков волгоградской породы имеется положительная связь [3].

Аналогичные данные были получены по использованию комолых баранов при создании новой тонкорунной мясной породы етти меринос. Результаты показали, что получаемый приплод от комолых баранов не отличался по уровню шерстной продуктивности, однако при этом имел превосходство по живой массе, убойным показателям по отношению к сверстникам, полученным от рогатых производителей. Также было продемонстрировано, что рогатые особи требуют большую площадь кормушек, помещений, с ними значительно сложнее работать при проведении различных зооветеринарных мероприятий, что в конечном итоге снижало экономическую эффективность разведения таких животных [2].

Для решения проблем, связанных с безопасностью обслуживающего персонала и благополучием животных, особенно на откормочных площадках и во время транспортировки, во многих странах законодательно регулируется практика удаления рогов. Директива Европейского совета 98/58/ЕС (последнее обновление в 2019 г.), в которой излагаются минимальные стандарты защиты сельскохозяйственных животных, является основой для процедуры обезроживания в Европейском союзе [8]. В отдельных государствах имеются национальные регламентирующие документы по вопросам удаления рогов [9]. Например, в Германии законодательно запрещено физическое удаление рогов у животных, если для этого нет ветеринарных показаний. Однако существует исключение для телят моложе 6 недель и козлят моложе 4 недель [38].

Несмотря на то, что удаление рогов в определенных случаях регулируется законом, во многих европейских странах все чаще различными организациями по защите животных выдвигаются требования о запрете процедуры обезроживания. Поэтому усилия многих ученых направлены на изучение генетической детерминированности рогатости/комолости и использования таких знаний в селекции сельскохозяйственных животных. Целенаправленные методы разведения в обозримом будущем позволят значительно сократить или полностью исключить рождение рогатых особей. За последние несколько десятилетий было проведено большое число исследований, однако многие генетические механизмы, определяющие формирование данного признака, до настоящего времени остаются невыясненными. Не вызывает сомнения тезис о том, что накопление новых данных в области генетики овец позволит в будущем использовать их при разработке стратегий развития овцеводства при таких рисках, как изменение климата, глобальный рост населения и растущий спрос на продукты животного происхождения [27, 28].

Признак рогатости/безрогости представляет особый интерес для генетиков с точки зрения того, что у разных видов животных существует большое разнообразие форм, положения, размера и даже числа рогов [17–19, 41]. Это касается и овец, поскольку с момента одомашнивания человек формировал их внешний вид, производя во многих поколениях отбор по таким признакам, как цвет, тип шерсти, а также по наличию или отсутствию рогов, что изменило поведение этого вида и затронуло многие локусы в его геноме [28, 29].

Цель исследований: анализ современного состояния исследований, направленных на поиск генов и геномных регионов, контролирующих признак рогатости/безрогости у овец и возможности использования геномного подхода для целенаправленного получения комолых животных.

### **Методика исследований**

#### **Research method**

Для достижения поставленной цели был проведен поиск и выполнен аналитический обзор более 40 источников литературы.

### **Результаты и их обсуждение**

#### **Results and discussion**

*Комолость как селекционный признак у овец.* На протяжении более чем 50 лет во многих странах развитого овцеводства проводится селекция на получение безрогих животных. Эта тенденция прослеживается в Австралии, Германии, Франции, Болгарии, США и обоснована не только большей технологичностью работы с комолыми животными, меньшими затратами кормов на получение продукции, но и их более высокой стоимостью – как правило, на 2–3% [38].

Имеются предположения того, что наличие или отсутствие рогов зависят от породной принадлежности, пола животных [24]. Учитывая эти два фактора, условно породы овец можно подразделить на три типа: 1) оба пола рогатые, но рога у самок намного меньше; 2) самец и самка комолые; 3) у самцов рога хорошо развиты, самки – комолые. Однако есть породы, которые не попадают в эти три типа: например, овцы породы валашская, уэссант (ушант), у которых самцы рогатые, а самки могут быть и рогатыми, и комолыми. В то же время у других пород (например, рамбулье, алтайская, ставропольская, советский меринос) наблюдается обратное: самки всегда комолые, а самцы имеют или не имеют рогов. Наконец, есть некоторые породы, у которых наличие рогов варьирует у обоих полов: например, дорпер, гиссарская, исландская (табл. 1).

**Породы овец с различными фенотипами по признаку рогатости/комолости  
в зависимости от половой принадлежности**

**Sheep breeds with different phenotypes for horniness/polledness traits depending on sex**

Признак рогатости/комолости у самцов и самок	Порода
Самцы и самки комолые	Барбадосская чернобрюхая
	Шароле
	Восточно-фризская
	Немецкая черноголовая мясная
	Иль-де-Франс
	Керри-хилл
	Лакон
	Мериноланд
	Грубошерстная померанская
	Романовская
	Суффолк
	Тексель
	Цвартблес
	Российский мясной меринос
	Волгоградская
Северокавказская мясо-шерстная	
Самцы и самки рогатые	Шотландская черноголовая
	Боререй
	Валисская черноносовая
	Муфлон
Наличие рогов варьирует у обоих полов	Альпийский стейншаф
	Дорпер
	Исландская
	Соай (Soay) (сойские овцы)
	Гиссарская

Признак рогатости/комолости у самцов и самок	Порода
Самцы рогатые, самки комолые	Камерунская
	Рамбулье
	Советский меринос
	Каракульская
	Алтайская
	Ставропольская
Самцы рогатые, самки комолые или рогатые	Валашская
	Уэссант (ушант)
	Грозненская
Самцы комолые или рогатые, самки комолые	Сальская
	Казахская тонкорунная

В большинстве пород овец современной селекции почти все животные комолые, а наличие рогов, как правило, встречается у автохтонных пород [38]. Поэтому выявление генов и геномных регионов, регулирующих изменчивость признака в диких популяциях, дает возможность понять, почему она иногда сохраняется в современных породах, несмотря на целенаправленный отбор [21].

*Картирование гена, отвечающего за признак рогатости/комолости.* До недавнего времени такие исследования ограничивались разрешающей способностью генетических методов исследования и высокими затратами на разработку маркеров для проведения генотипирования. Однако появление технологии высокопроизводительного NGS-секвенирования привело к быстрому расширению масштабов и доступности геномных исследований, что позволило получить новые данные о механизме наследования фенотипа комолости у овец, который оказался сложнее, чем предполагалось [1, 26].

Ранние попытки понять генетические механизмы развития рогов у овец были предприняты более века назад [4, 6]. Первоначально была предложена модель с тремя аллелями, поскольку считалось, что рост рогов у овец контролируется одним аутосомным локусом. С. Dolling и соавт., основываясь на экспериментах по скрещиванию, высказали предположение того, что аллель, контролирующая появление рогов, является доминантной у самцов и рецессивной у самок [10]. С появлением подходов, основанных на исследовании генома, это представление претерпело изменения. Первое и глубокое исследование G.W. Montgomery и соавт., выполненное на тонкорунных мериносовых и полутонкорунных овцах, показало, что рогатость у овец контролируется локусом Horns (*Ho*) и он, по всей вероятности, располагается на хромосоме OAR10 [32]. В дальнейшем это предположение подтвердилось, и было уточнено местонахождение области, ответственной за формирование роговой ткани [11].

Д. Беральди с соавт., используя в качестве объекта исследования популяцию соайских овец (Soay) в Сент-Килде, также маркировал местонахождение локуса

на хромосоме OAR10 [5]. Далее Н.К. Пикеринг и соавт. описали размер локуса *Ho*, который составил 14 Мб, и сообщили о большой (примерно 3 тыс. пар нуклеотидов) ретротранспонированной вставке в некодирующей 3'-UTR области, которая была обнаружена исключительно у комолых особей [35]. Позже С.Е. Джонстон и соавт. сузили местоположение локуса *Ho* на OAR10 до интервала около 7,4 сМ, а также разработали микросателлитные маркеры для использования в популяции соайских овец [25].

В последующем была выявлена наиболее значительная ассоциация с комолостью во фланкирующей области 3'-конца гена рецептора 2 релаксина/инсулиноподобного семейства пептидов (*RXFP2*). Выполненные полногеномные ассоциативные исследования (genome-wide association study, GWAS) с использованием 36 тыс. однонуклеотидных полиморфизмов (single nucleotide polymorphisms, SNP) выявили 3 высокозначимых ассоциированных SNP-маркера: OAR10\_29448537.1; OAR10\_29538398.1; OAR10\_29511510.1, которые оказались связанными с наличием/отсутствием рогов [24]. Практически те же области были определены Н. Дювестейн и соавт.: генотип GG в позиции OAR10\_29458450 или TT в OAR10\_29546872.1 были ассоциированы с комолостью у баранов мериносовых пород [13], а также в двух популяциях аборигенных овец с Цинхай-Тибетского нагорья [33].

Обоснованием того, что ген *RXFP2* связан с комолостью, служит ряд факторов. Во-первых, ассоциации между наличием рогов и SNP в непосредственно смежных генах значительно слабее по сравнению с ассоциациями, наблюдаемыми в непосредственной близости к гену *RXFP2* или в его структурных единицах. Во-вторых, у людей мужского пола и мышей-самцов экспрессия гена *RXFP2* высокозначимо положительно коррелирует с концентрацией тестостерона в крови, а мутации в данном гене связаны с нарушением опускания яичек (крипторхизм), снижением плотности костной массы и остеопорозом [15, 16, 24, 43].

Доказательством связи гена *RXFP2* с фенотипом рогатости/комолости служат данные о том, что кастрация баранчиков породы Soay в течение суток после рождения оказывает выраженное фенотипическое влияние на развитие рогов: у части животных они формируются, как у самок, а у части – рога отсутствуют вовсе, чего никогда не наблюдается у некастрированных самцов [22]. Это свидетельствует о том, что половые гормоны играют важную роль в развитии рогов, и, по-видимому, мутация в гене *RXFP2*, связанном с уровнем мужских гормонов и развитием костей, оказывает влияние на тип и размер рога [24]. В последующем это было подтверждено описанием аллелей *Ho*<sup>+</sup> и *Ho*<sup>P</sup>. Было показано, что *Ho*<sup>+</sup> регулирует развитие нормальных рогов, а аллель *Ho*<sup>P</sup> – маленьких рогов или их отсутствие. Кроме того, было высказано предположение, что аллель *Ho*<sup>+</sup> связана с более высокими репродуктивными качествами, тогда как аллель *Ho*<sup>P</sup> – с повышенной выживаемостью [26].

Исследования, проведенные К.Л. Ванг и соавт., позволили установить, что ген *RXFP2* у овец кодирует 763 аминокислоты и состоит из 18 экзонов. Учеными было выявлено 20 ранее не зарегистрированных SNP: 1 – в промоторной области; 4 – в кодирующих областях (в экзонах); 15 – в интронах (табл. 2). Также авторами было установлено, что 7 из 20 SNP оказались видоспецифичными вариантами, а синонимичная мутация p.P375 (с.1125A>G) в 14 экзоне рассматривалась как вариант-кандидат, участвующий на появление или отсутствие рогов [40].

В последующем, в 2015 г., была амплифицирована область длиной 4 т.п.н. 3'-конца гена *RXFP2* у рогатых и комолых овец 7 швейцарских пород. Анализ последовательности идентифицировал геномную вставку размером 1833 п.н., расположенную в 3'-UTR области гена *RXFP2*, присутствующую только у комолых животных. Сравнительный анализ последовательностей выявил доказательства того, что инсерция, связанная с комолостью, добавляет потенциальную антисмысловую

последовательность РНКЕЕF1A1 к 3'-концу транскриптов *RXFP2* [42]. В то же время в 2016 г. G. Lühken и соавт. показали, что полиморфизмы в 3'-UTR области экзона 14 и интроне 11 гена *RXFP2* нельзя рассматривать как единственные факторы комолости у овец [31].

Таблица 2

**Выявленные полиморфизмы в гене *RXFP2* овец [40]**

Table 2

**Identified polymorphisms in the *RXFP2* gene of sheep (based on Ref. [40])**

Вариант	Местоположение	Вариант кодирования	Аминокислотный обмен
C>T	Промоутер		
C>T	Интрон 1		
A>G	Интрон 3		
C>T	Интрон 6		
C>T	Интрон 6		
A>G	Интрон 6		
A>G	Интрон 6		
C>T	Интрон 8		
C>T	Интрон 8		
C>T	Интрон 8		
C>T	Экзон 9	c.789C>T	p.A263
A>G	Интрон 10		
G>T	Интрон 11		
A>C	Интрон 11		
A>T	Интрон 11		
C>T	Интрон 13		
A>G	Экзон 14	c.1117A>G	p.E373K
A>G	Экзон 14	c.1125A>G	p.P375
G>T	Интрон 15		
C>T	Экзон 18	c.2059C>T	p.L687

Заслуживают внимания исследования, в которых сделаны попытки определения интрогрессии гаплотипов рогатости в современных популяциях овец от предковых форм. Х.Д. Ну и соавт. предположили, что «рогатые» гаплотипы у тибетских овец в гене *RXFP2* скорее всего были интрогрессированы от архара [20]. Однако группа ученых во главе с Н. Cheng, проанализировав данные полногеномного секвенирования 1098 домашних овец 154 пород и 69 диких овец 7 видов *Ovis* в той же области (chr10: 29,435112–29,481,215), обнаружила несколько интрогрессированных гаплотипов *RXFP2* от иранского муфлона, а не от архара [7].

Для выявления ключевых генов, влияющих на фенотип рогатости/безрогатости, применялся транскрипционный анализ у зародышей овец во второй период эмбрионального развития. При этом с использованием технологии РНК-секвенирования (RNA-seq) исследовалась дифференциальная экспрессия генов не только в клетках роговой ткани, но и в клетках прилегающей к ней кожи лба. Была подтверждена наибольшая значимость для гена *RXFP2* (р-значение –  $7,42 \times 10^{-14}$ ). Кроме того, были определены 32 гена, которые так или иначе оказались вовлеченными в процессы образования, дифференциации и питания клеток роговой ткани и волосяных фолликулов кожи. Было продемонстрировано, что рога имеют происхождение из клеток нервного гребня, а сигнальный путь Wnt необходим для миграции и пролиферации клеток нервного гребня черепа, и этот процесс регулируют гены *SFRP2*, *SFRP4*, *WNT3* и *WNT7B*.

*SFRP2* контролирует процессы развития волосяных фолликулов и ингибирования пролиферации кератиноцитов, *SFRP4* определяет эпидермальную дифференцировку и влияет на функции остеобластов и остеокластов, *WNT7B* связан с эпителиально-мезенхимальным переходом, а *WNT3* – с регенерацией волосяных фолликулов. По мнению авторов, эти результаты иллюстрируют потенциальную роль данных генов в развитии роговой ткани у овец в период эмбрионального развития и, по всей видимости, влияют на фенотип рогатости/безрогатости в постэмбриональный период [41].

Несмотря на то, что европейское законодательство ограничивает использование геной инженерии [14], методы геномного редактирования – такие, как ZFN (Zinc-finger nucleases) или «цинковые пальцы», TALEN (Transcription Activator-Like Effector Nucleases) и CRISPR (Clustered Regulatory Interspaced Short Palindromic Repeats)/Cas, по-прежнему рассматриваются как перспективные для использования на сельскохозяйственных животных и растениях [23].

ZFN – это сайт-специфическая нуклеаза, которая состоит из белкового Zn-домена и фермента, расщепляющего ДНК *in vitro* в необходимом участке, при помощи связывания с определенными последовательностями нуклеотидов ДНК. TALEN – это ДНК-распознающие белковые структуры, где каждый белковый домен определяет только один нуклеотид ДНК, что определяет его высокую специфичность. CRISPR/Cas – это локусы, состоящие из повторяющихся некодирующих последовательностей бактериальной ДНК, разделенные спейсерами – короткими фрагментами чужеродной вирусной ДНК. Фрагменты вирусной ДНК встраиваются в бактериальную ДНК и в случае, если в клетку бактерии повторно попадает «известный» вирус, то происходит синтез РНК, закодированной в CRISPR-локусе. Таким образом, в созревшей РНК присутствуют короткие фрагменты, соответствующие повторяющимся участкам бактериальной ДНК и спейсеру. Первые участки необходимы для связывания с Cas-белками, а спейсер – с комплементарным участком ДНК вируса. Cas-белки при взаимодействии с вирусной ДНК разрезают ее на двух цепочках с высокой точностью. Таким образом, молекулярные механизмы методов ZFN, TALEN и CRISPR/Cas позволяют провести нокаут гена или замену определенной последовательности ДНК в целом [12, 37, 39].

Использование методов геномного редактирования будет исключительно информативным на целевом гене *RXFP2*, а также на генах-кандидатах (*SFRP4*, *SFRP2*, *WNT7B* и *WNT3*) для направленного получения комолых животных и выявления роли каждого из этих генов в формировании данного признака.

## Выводы Conclusions

Возросший объем выполняемых исследований указывает на значительный интерес к поиску генов-кандидатов, маркирующих наличие или отсутствие рогов у овец, и к перспективности использования методов геномного редактирования для выяснения генетических механизмов формирования данного признака, а также целенаправленного получения комолых животных. Выявленная связь между геном *RXFP2* и фенотипом рогатости/безрогатости делает этот ген перспективным для дальнейшего изучения у разных пород. Для подтверждения влияния тех или иных генов на формирование признака рогатости/безрогатости перспективным является проведение транскриптомного анализа в клетках роговой ткани и тканях, связанных с ее образованием и дифференцировкой.

## Список источников

1. Денискова Т.Е., Доцев А.В., Петров С.Н., Зиновьева Н.А. Поиск QTL и функциональных генов-кандидатов у овец как важный этап внедрения геномной селекции // *XIV Международный биотехнологический форум «Росбиотех-2020»*, Москва, 17-19 ноября 2020 г. Москва: Федеральный научный центр пищевых систем им. В.М. Горбатова РАН, 2020. С. 174–175. EDN: EZCCIT
2. Жумадилаев Н.К., Юлдашбаев Ю.А., Карынбаев А.К. Влияние комолости на продуктивность овец породы етти меринос // *Аграрная наука*. 2020. № 5. С. 56–59. <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2020-338-5-56-59>
3. Фейзуллаев Ф.Р., Шайдуллин И.Н., Кириллова К.Е. и др. Мясная продуктивность рогатых и комолых баранчиков волгоградской породы // *Овцы, козы, шерстяное дело*. 2015. № 4. С. 27–28. EDN: VQEGXT
4. Arkell T.R., Davenport C.B. The nature of the inheritance of horns in sheep. *Science*. 1912;35(911):927. <https://doi.org/10.1126/science.35.911.927>
5. Beraldi D., McRae A.F., Gratten J.J. et al. Pemberton Development of a Linkage Map and Mapping of Phenotypic Polymorphisms in a Free-Living Population of Soay Sheep (*Ovis aries*). *Genetics*. 2006;173(3):1521-537. <https://doi.org/10.1534/genetics.106.057141>
6. Castle W.E. Are horns in sheep a sex-limited character? *Science*. 1912;35(902):574-575. <https://doi.org/10.1126/science.35.902.574>
7. Cheng H., Zhang Z., Wen J. et al. Long divergent haplotypes introgressed from wild sheep are associated with distinct morphological and adaptive characteristics in domestic sheep. *PLoS Genet*. 2023;19(2): e1010615. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1010615>
8. Council Directive 98/59/EC concerning the protection of animals kept for farming purpose: 98/58/EC. *CELEX-EUR. CELEX-EUR Off. J. L 221*. 1998:23-27. [Электронный ресурс]. URL: <https://www.fao.org/faolex/results/details/en/c/LEX-FAOC025031/> (дата обращения: 15.01.2024)
9. Cozzi G., Prevedello P., Boukha A. et al. Alternatives to Castration and Dehorning. Report on Dehorning Practices across EU Member States. *ALCASDE. APPENDIX 20*.

- 2009;1-140. [Электронный ресурс]. URL: [http://www.vuzv.sk/DB-Welfare/telata/calves\\_alcasde\\_D-2-1-1.pdf](http://www.vuzv.sk/DB-Welfare/telata/calves_alcasde_D-2-1-1.pdf) (дата обращения: 28.01.2024)
10. Dolling C. Hornedness and polledness in sheep.: IV. Triple alleles affecting horn growth in the Merino. *Aust. J. Agric. Res.* 1961;12(2):353-361. <https://doi.org/10.1071/AR9610535>
11. Dominik S., Henshall J.M., Hayes B.J. A single nucleotide polymorphism on chromosome 10 is highly predictive for the polled phenotype in Australian Merino sheep. *Animal Genetics.* 2012;43(4):468-470. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2011.02271.x>
12. Doudna J.A., Charpentier E. Genome editing. The new frontier of genome engineering with CRISPR-Cas9. *Science.* 2014;346:1258096. <https://doi.org/10.1126/science.1258096>
13. Duijvesteijn N., Bolormaa S., Daetwyler H.D., van der Werf J.H.J. Genomic prediction of the polled and horned phenotypes in Merino sheep. *Genetics Selection Evolution.* 2018;50(28):1-11. <https://doi.org/10.1186/s12711-018-0398-6>
14. EuGH Vorlage zur Vorabentscheidung-Absichtliche Freisetzung genetisch veränderter Organismen in die Umwelt-Mutagenese-Richtlinie 2001/18/EG-Art. 2 und 3-Anhänge I A und I B. Urteil vom 25.072018 – rechtssache c-528/16 urteil des gerichtshofs (Große Kammer). [Электронный ресурс]. URL: [https://www.regierung.oberbayern.bayern.de/mam/dokumente/eugh-urteil\\_c-528-16.pdf](https://www.regierung.oberbayern.bayern.de/mam/dokumente/eugh-urteil_c-528-16.pdf) (дата обращения 13.03.2024)
15. Feng S., Ferlin A., Truong A. et al. INSL3/RXFP2 signaling in testicular descent: mice and men. *Annals of the New York Academy of Sciences.* 2009;1160(1):197-204. <https://doi.org/10.1111/j.1749-6632.2009.03841.x>
16. Ferlin A., Pepe A., Giancesello L. et al. Mutations in the insulin-like factor 3 receptor are associated with osteoporosis. *Journal of Bone and Mineral Research.* 2008;23(5):683-693. <https://doi.org/10.1359/jbmr.080204>
17. Greyvenstein O.F.C., Reich C.M., van Marle-Koster E. et al. Polyceraty (multi-horns) in Damara sheep maps to ovine chromosome 2. *Animal Genetics.* 2016;47(2):263-266. <https://doi.org/10.1111/age.12411>
18. Ren X., Yang G.L., Peng W.F. et al. A genome-wide association study identifies a genomic region for the polycerate phenotype in sheep (*Ovis aries*). *Sci Rep.* 2016;6:21111. <https://doi.org/10.1038/srep21111>
19. He X., Zhou Z., Pu Y. et al. Mapping the four-horned locus and testing the polled locus in three Chinese sheep breeds. *Anim Genet.* 2016;47(5):623-627. <https://doi.org/10.1111/age.12464>
20. Hu X.J., Yang J., Xie X.L. et al. The genome landscape of Tibetan sheep reveals adaptive introgression from Argali and the history of early human settlements on the Qinghai-Tibetan plateau. *Molecular Biology and Evolution.* 2019;36(2):283-303. <https://doi.org/10.1093/molbev/msy208>
21. Hu Z.L., Park C.A., Reecy J.M. Developmental progress and current status of the Animal QTLdb. *Nucleic Acids Res.* 2016;44(1):827-833. <https://doi.org/10.1093/nar/gkv1233>
22. Jewell P.A. Survival and behaviour of castrated Soay sheep (*Ovis aries*) in a feral island population on Hirta St. Kilda, Scotland. *Journal of Zoology.* 1997;243(3):623-636. <https://doi.org/10.1111/j.1469-7998.1997.tb02806.x>
23. Jinek M., Chylinski K., Fonfara I. et al. Charpentier A programmable dual-RNA-guided DNA endonuclease in adaptive bacterial immunity. *Science.* 2012;337(6096):816-821. <https://doi.org/10.1126/science.1225829>
24. Johnston S., McEwan J., Pickering N. et al. Genome-wide association mapping identifies the genetic basis of discrete and quantitative variation in sexual

- weaponry in a wild sheep population. *Molecular Ecology*. 2011;20(12):2555-2566. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2011.05076.x>
25. Johnston S.E., Beraldi D., McRae A.F. et al. Slate Horn type and horn length genes map to the same chromosomal region in Soay sheep. *Heredity*. 2010;104(2):196-205. <https://doi.org/10.1038/hdy.2009.109>
26. Johnston S.E., Gratten J., Berenos C. et al. Life history trade-offs at a single locus maintain sexually selected genetic variation. *Nature*. 2013;502(7469):93-95. <https://doi.org/10.1038/nature12489>
27. KaldsP., Zhou S., Gao Y. et al. Genetics of the phenotypic evolution in sheep: a molecular look at diversity-driving genes. *Genetics Selection Evolution*. 2022;54(1):61. <https://doi.org/10.1186/s12711-022-00753-3>
28. Kijas J.W., Lenstra J.A., Hayes B. et al. Genome-wide analysis of the world's sheep breeds reveals high levels of historic mixture and strong recent selection. *PLoS Biology*. 2012;10(2): e1001258. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1001258>
29. Li X., Yang J., Shen M. et al. Whole-genome resequencing of wild and domestic sheep identifies genes associated with morphological and agronomic traits. *Nature communications*. 2020;11(1):2815. <https://doi.org/10.1038/s41467-020-16485-1>
30. Luan Y., Wu S., Wang M. et al. Identification of critical genes for ovine horn development based on transcriptome during the embryonic period. *Biology*. 2023;12(4):591. <https://doi.org/10.3390/biology12040591>
31. Lühken G., Krebs S., Rothhammer S. et al. The 1.78-kb insertion in the 3'-untranslated region of RXFP2 does not segregate with horn status in sheep breeds with variable horn status. *Genet Sel Evol*. 2016;48:1-14. <https://doi.org/10.1186/s12711-016-0256-3>
32. Montgomery G.W., Henry H.M., Dodds K.G. et al. Mapping the horns (Ho) locus in sheep: a further locus controlling horn development in domestic animals. *Journal of Heredity*. 1996;87(5):358-363. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.jhered.a023014>
33. Pan Z., Li S., Liu Q. et al. Whole-genome sequences of 89 Chinese sheep suggest role of RXFP2 in the development of unique horn phenotype as response to semi-feralization. *GigaScience*. 2018;7(4):1-15. <https://doi.org/10.1093/gigascience/giy019>
34. Picard K., Thomas D.W., Festa-Bianchiet M. et al. Differences in thermal conductivity of tropical and 420 temperate bovid horns. *Ecoscience*. 1999;6(2):148-158. <https://doi.org/10.1080/11956860.1999.11682515>
35. Pickering N.K., Johnson P.L., Auvray B. et al. Mapping the horns locus in sheep. *Proc Assoc Advmt Anim Breed Genet*. 2009;18:88-91
36. Robinson M.R., Pilkington J.G., Clutton-Brock T.H. Live fast, die young: trade-offs between fitness components and sexually antagonistic selection on weaponry in Soay sheep. *Evolution*. 2006;60(10):2168-2181. <https://doi.org/10.1111/j.0014-3820.2006.tb01854.x>
37. Ruan J., Xu J., Chen-Tsai R.Y. et al. Genome editing in livestock: Are we ready for a revolution in animal breeding industry? *Transgenic research*. 2017;26:715-726. <https://doi.org/10.1007/s11248-017-0049-7>
38. Simon R., Drögemüller C., Lühken G. The complex and diverse genetic architecture of the absence of horns (Polledness) in domestic ruminants, including goats and sheep. *Genes*. 2022;13(5):832. <https://doi.org/10.3390/genes13050832>
39. Van Eenennaam A.L. The contribution of transgenic and genome-edited animals to agricultural and industrial applications. *Revue Scientifique et Technique (International Office of Epizootics)*. 2018;37(1):97-112. <https://doi.org/10.20506/rst.37.1.2743>
40. Wang X.L., Zhou G.X., Li Q. Discovery of SNPs in RXFP2 related to horn types in sheep. *Small Ruminant Research*. 2014;116(2-3):133-136. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2013.10.022>

41. Wang Y., Zhang C., Wang N. et al. Genetic basis of ruminant headgear and rapid antler regeneration. *Science*. 2019;364(6446): eaav6335. <https://doi.org/10.1126/science.aav6335>
42. Wiedemar N., Wiedemar N., Drögemüller C. A 1.8-kb insertion in the 3'-UTR of RXFP2 is associated with polledness in sheep. *Animal Genetics*. 2015;46(4):457-461. <https://doi.org/10.1111/age.12309>
43. Yuan F.P., Li X., Lin J. et al. The role of RXFP2 in mediating androgen-induced inguinoscrotal testis descent in LH receptor knockout mice. *Reproduction* (Cambridge, England). 2010;139(4):759-769. <https://doi.org/10.1530/REP-09-0518>

## References

1. Deniskova I.E., Dotsev A.V., Petrov S.N., Zinovieva N.A. Search for QTL and functional candidate genes as an important step in the implementation of genomic breeding in sheep breeding. *XIV mezhdunarodnyy biotekhnologicheskiiy forum 'Rosbiotekh-2020'. November 17-19, 2020*. Moscow, Russia: V.M. Gorbатов Federal Research Center for Food Systems of Russian Academy of Sciences. 2020;174-175. (In Russ.)
2. Zhumadillaev N.K., Yuldashbaev Y.A., Karynbaev A.K. Effect of hornless on the productivity of Etti Merino sheep. *Agrarian Science*. 2020;(5):56-59. (In Russ.) <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2020-338-5-56-59>
3. Feyzullaev F.R., Shaidullin I.N., Kirillova K.E., Timoshenko Yu.I. et al. Meat productivity of horned and polled sheep of the Volgograd breed. *Ovtsy, kozy, sherstyanyoye delo*. 2015;(4):27-28. (In Russ.) EDN: VQEGXT
4. Arkell T.R., Davenport C.B. The nature of the inheritance of horns in sheep. *Science*. 1912;35(911):927. <https://doi.org/10.1126/science.35.911.927>
5. Beraldi D., McRae A.F., Gratten J.J. et al. Pemberton development of a linkage map and mapping of phenotypic polymorphisms in a free-living population of Soay sheep (*Ovis aries*). *Genetics*. 2006;173(3):1521-537. <https://doi.org/10.1534/genetics.106.057141>
6. Castle W.E. Are horns in sheep a sex-limited character? *Science*. 1912;35(902):574-575. <https://doi.org/10.1126/science.35.902.574>
7. Cheng H., Zhang Z., Wen J., Lenstra J. et al. Long divergent haplotypes introgressed from wild sheep are associated with distinct morphological and adaptive characteristics in domestic sheep. *PLoS Genet*. 2023;19(2): e1010615. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1010615>
8. Council Directive 98/59/EC concerning the protection of animals kept for farming purpose: 98/58/EC. *CELEX-EUR. CELEX-EUR Off. J. L 221*. 1998:23-27. URL: <https://www.fao.org/faolex/results/details/en/c/LEX-FAOC025031/> (accessed: January 15, 2024)
9. Cozzi G., Prevedello P., Boukha A. et al. Alternatives to Castration and Dehorning. Report on Dehorning Practices across EU Member States. *ALCASDE. APPENDIX 20*. 2009:1-140. URL: [http://www.vuzv.sk/DB-Welfare/telata/calves\\_alcasde\\_D-2-1-1.pdf](http://www.vuzv.sk/DB-Welfare/telata/calves_alcasde_D-2-1-1.pdf) (accessed: January 28, 2024)
10. Dolling C. Hornedness and polledness in sheep.: IV. Triple alleles affecting horn growth in the Merino. *Aust. J. Agric. Res*. 1961;12(2):353-361. <https://doi.org/10.1071/AR9610535>
11. Dominik S., Henshall J.M., Hayes B.J. A single nucleotide polymorphism on chromosome 10 is highly predictive for the polled phenotype in Australian Merino sheep. *Animal Genetics*. 2012;43(4):468-470. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2011.02271.x>

12. Doudna J.A., Charpentier E. Genome editing. The new frontier of genome engineering with CRISPR-Cas9. *Science*. 2014;346:1258096. <https://doi.org/10.1126/science.1258096>
13. Duijvesteijn N., Bolormaa S., Daetwyler H.D., van der Werf J.H.J. Genomic prediction of the polled and horned phenotypes in Merino sheep. *Genetics Selection Evolution*. 2018;50(28):1-11. <https://doi.org/10.1186/s12711-018-0398-6>
14. EuGH Vorlage zur Vorabentscheidung-Absichtliche Freisetzung genetisch veränderter Organismen in die Umwelt-Mutagenese-Richtlinie 2001/18/EG-Art. 2 und 3–Anhänge I A und I B. Urteil vom 25.07.2018 – rechtsache c-528/16 urteil des gerichtshofs (Große Kammer). URL: [https://www.regierung.oberbayern.bayern.de/mam/dokumente/eugh-urteil\\_c-528-16.pdf](https://www.regierung.oberbayern.bayern.de/mam/dokumente/eugh-urteil_c-528-16.pdf) (accessed: March 13, 2024)
15. Feng S., Ferlin A., Truong A., Bathgate R. et al. INSL3/RXFP2 signaling in testicular descent: mice and men. *Annals of the New York Academy of Sciences*. 2009;1160(1):197-204. <https://doi.org/10.1111/j.1749-6632.2009.03841.x>
16. Ferlin A., Pepe A., Giancesello L., Garolla A. et al. Mutations in the insulin-like factor 3 receptor are associated with osteoporosis. *Journal of Bone and Mineral Research*. 2008;23(5):683-693. <https://doi.org/10.1359/jbmr.080204>
17. Greyvenstein O.F.C., Reich C.M., van Marle-Koster E., Riley D.G. et al. Polyceraty (multi-horns) in Damara sheep maps to ovine chromosome 2. *Animal Genetics*. 2016;47(2):263-266. <https://doi.org/10.1111/age.12411>
18. Ren X., Yang G.L., Peng W.F., Zhao Y.X. et al. A genome-wide association study identifies a genomic region for the polycerate phenotype in sheep (*Ovis aries*). *Sci Rep*. 2016;6:21111. <https://doi.org/10.1038/srep21111>
19. He X., Zhou Z., Pu Y., Chen X. et al. Mapping the four-horned locus and testing the polled locus in three Chinese sheep breeds. *Anim Genet*. 2016;47(5):623-627. <https://doi.org/10.1111/age.12464>
20. Hu X.J., Yang J., Xie X.L., Lv F.H. et al. The genome landscape of Tibetan sheep reveals adaptive introgression from Argali and the history of early human settlements on the Qinghai-Tibetan plateau. *Molecular Biology and Evolution*. 2019;36(2):283-303. <https://doi.org/10.1093/molbev/msy208>
21. Hu Z.L., Park C.A., Reecy J.M. Developmental progress and current status of the Animal QTLdb. *Nucleic Acids Res*. 2016;44(1):827-833. <https://doi.org/10.1093/nar/gkv1233>
22. Jewell P.A. Survival and behaviour of castrated Soay sheep (*Ovis aries*) in a feral island population on Hirta St. Kilda, Scotland. *Journal of Zoology*. 1997;243(3):623-636. <https://doi.org/10.1111/j.1469-7998.1997.tb02806.x>
23. Jinek M., Chylinski K., Fonfara I. et al. Charpentier A programmable dual-RNA-guided DNA endonuclease in adaptive bacterial immunity. *Science*. 2012;337(6096):816-821. <https://doi.org/10.1126/science.1225829>
24. Johnston S., McEwan J., Pickering N. et al. Genome-wide association mapping identifies the genetic basis of discrete and quantitative variation in sexual weaponry in a wild sheep population. *Molecular Ecology*. 2011;20(12):2555-2566. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2011.05076.x>
25. Johnston S.E., Beraldi D., McRae A.F. et al. Slate Horn type and horn length genes map to the same chromosomal region in Soay sheep. *Heredity*. 2010;104(2):196-205. <https://doi.org/10.1038/hdy.2009.109>
26. Johnston S.E., Gratten J., Berenos C. et al. Life history trade-offs at a single locus maintain sexually selected genetic variation. *Nature*. 2013;502(7469):93-95. <https://doi.org/10.1038/nature12489>

27. Kalds P., Zhou S., Gao Y. et al. Genetics of the phenotypic evolution in sheep: a molecular look at diversity-driving genes. *Genetics Selection Evolution*. 2022;54(1):61. <https://doi.org/10.1186/s12711-022-00753-3>
28. Kijas J.W., Lenstra J.A., Hayes B. et al. Genome-wide analysis of the world's sheep breeds reveals high levels of historic mixture and strong recent selection. *PLoS Biology*. 2012;10(2): e1001258. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1001258>
29. Li X., Yang J., Shen M. et al. Whole-genome resequencing of wild and domestic sheep identifies genes associated with morphological and agronomic traits. *Nature Communications*. 2020;11(1):2815. <https://doi.org/10.1038/s41467-020-16485-1>
30. Luan Y., Wu S., Wang M. et al. Identification of critical genes for ovine horn development based on transcriptome during the embryonic period. *Biology*. 2023;12(4):591. <https://doi.org/10.3390/biology12040591>
31. Lühken G., Krebs S., Rothhammer S. et al. The 1.78-kb insertion in the 3'-untranslated region of RXFP2 does not segregate with horn status in sheep breeds with variable horn status. *Genet Sel Evol*. 2016;48:1-14. <https://doi.org/10.1186/s12711-016-0256-3>
32. Montgomery G.W., Henry H.M., Dodds K.G. et al. Mapping the horns (Ho) locus in sheep: a further locus controlling horn development in domestic animals. *Journal of Heredity*. 1996;87(5):358-363. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.jhered.a023014>
33. Pan Z., Li S., Liu Q. et al. Whole-genome sequences of 89 Chinese sheep suggest role of RXFP2 in the development of unique horn phenotype as response to semi-feralization. *GigaScience*. 2018;7(4):1-15. <https://doi.org/10.1093/gigascience/giy019>
34. Picard K., Thomas D.W., Festa-Bianchiet M. et al. Differences in thermal conductivity of tropical and 420 temperate bovid horns. *Ecoscience*. 1999;6(2):148-158. <https://doi.org/10.1080/11956860.1999.11682515>
35. Pickering N.K., Johnson P.L., Auvray B. et al. Mapping the horns locus in sheep. *Proc Assoc Advmt Anim Breed Genet*. 2009;18:88-91.
36. Robinson M.R., Pilkington J.G., Clutton-Brock T.H. Live fast, die young: trade-offs between fitness components and sexually antagonistic selection on weaponry in Soay sheep. *Evolution*. 2006;60(10):2168-2181. <https://doi.org/10.1111/j.0014-3820.2006.tb01854.x>
37. Ruan J., Xu J., Chen-Tsai R.Y. et al. Genome editing in livestock: Are we ready for a revolution in animal breeding industry? *Transgenic Research*. 2017;26:715-726. <https://doi.org/10.1007/s11248-017-0049-7>
38. Simon R., Drögemüller C., Lühken G. The complex and diverse genetic architecture of the absence of horns (Polledness) in domestic ruminants, including goats and sheep. *Genes*. 2022;13(5):832. <https://doi.org/10.3390/genes13050832>
39. Van Eenennaam A.L. The contribution of transgenic and genome-edited animals to agricultural and industrial applications. *Revue Scientifique et Technique (International Office of Epizootics)*. 2018;37(1):97-112. <https://doi.org/10.20506/rst.37.1.2743>
40. Wang X.L., Zhou G.X., Li Q. Discovery of SNPs in RXFP2 related to horn types in sheep. *Small Ruminant Research*. 2014;116(2-3):133-136. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2013.10.022>
41. Wang Y., Zhang C., Wang N. et al. Genetic basis of ruminant headgear and rapid antler regeneration. *Science*. 2019;364(6446): eaav6335. <https://doi.org/10.1126/science.aav6335>
42. Wiedemar N., Wiedemar N., Drögemüller C. A 1.8-kb insertion in the 3'-UTR of RXFP2 is associated with polledness in sheep. *Animal Genetics*. 2015;46(4):457-461. <https://doi.org/10.1111/age.12309>
43. Yuan F.P., Li X., Lin J. et al. The role of RXFP2 in mediating androgen-induced inguinoscrotal testis descent in LH receptor knockout mice. *Reproduction (Cambridge, England)*. 2010;139(4):759-769. <https://doi.org/10.1530/REP-09-0518>

### Сведения об авторах

**Марина Ивановна Селионова**, д-р биол. наук, профессор РАН, проректор по научной работе, Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева»; 127550, Российская Федерация, г. Москва, ул. Тимирязевская, 49; e-mail: selionova@rgau-msha.ru; <https://orcid.org/0000-0002-9501-8080>

**Дарья Дмитриевна Евлагина**, канд. биол. наук, старший научный сотрудник, Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр»; Российская Федерация, г. Михайловск, ул. Никонова, 49; e-mail: d1319731@yandex.ru; <https://orcid.org/0000-0001-6101-7293>

### Information about the authors

**Marina I. Selionova**, DSc (Bio), Professor of the Russian Academy of Sciences, Vice-Rector for Research, Russian State Agrarian University – Moscow Timiryazev Agricultural Academy; 49 Timiryazevskaya St., Moscow, 127550, Russian Federation; phone: +7 (968) 266-33-03; e-mail: selionova@rgau-msha.ru; <https://orcid.org/0000-0002-9501-8080>

**Daria D. Evlagina**, CSc (Bio), Senior Research Associate, North Caucasus Federal Agrarian Research Centre, Mikhailovsk, 49 Nikonova St., Mikhailovsk, Shpakovsky district, Stavropol Krai, 356241, Russian Federation; e-mail: d1319731@yandex.ru; <https://orcid.org/0000-0001-6101-7293>