

**РАЗВЕДЕНИЕ И ГЕНЕТИКА**

УДК 636.2:636.082:577.21

DOI: 10.25687/1996-6733.prodanimbiol.2022.2.27-33

**ОЦЕНКА ЧАСТОТЫ ВСТРЕЧАЕМОСТИ SNP rs211250281  
ГЕНА AGRAT6 У ПОРОД КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА**

Архипова А.Л., Ковальчук С.Н.

*Институт инновационных биотехнологий в животноводстве –  
филиал ФИЦ животноводства - ВИЖ им. Л.К. Эрнста*

В связи с проведением селекции крупного рогатого скота по признаку жирномолочности, актуальным является поиск ДНК-маркеров, ассоциированных с содержанием жира в молоке коров. Одним из таких генов-кандидатов является ген *agpat6*, кодирующий глицерол-3-фосфат ацилтрансферазу 6 (AGPAT6). Известен однонуклеотидный полиморфизм rs211250281 (g27:36520069 G/T), который расположен в промоторной области *agpat6* и ассоциирован с содержанием жира в молоке коров. Целью данной работы было провести оценку частоты встречаемости полиморфизма rs211250281 у разных пород крупного рогатого скота отечественной селекции. Исследования проводились на образцах ДНК коров восьми пород: айрширской (n=56), абердин-ангусской (n=27), герефордской (n=33), якутской (n=41), ярославской (n=48), калмыцкой (n=49), костромской (n=38) и чёрно-пестрой голштинизированной (n=49). Генотипирование коров проводили методом ПЦР-ПДРФ. Обнаружены низкие значения частоты встречаемости генотипа ГТ гена AGRAT6 (rs211250281) у коров исследованных пород с высокими показателями жирномолочности.

*Ключевые слова: крупный рогатый скот, жирность молока, генотипирование, ген agpat6, однонуклеотидный полиморфизм, частота встречаемости.*

*Проблемы биологии продуктивных животных, 2022, 2: 27-33.*

**Введение**

Содержание жира в молоке является экономически важным признаком, которому уделяется большое внимание в программах улучшения молочных пород крупного рогатого скота. Более 95% молочных жиров составляют триацилглицериды (Jensen, 2002). Биосинтез триацилглицеридов осуществляют последовательно ферментами GPAM (глицерин-3-фосфат-ацилтрансфераза митохондриальная), AGRAT6 (1-ацилглицерин-3-фосфат-О-ацилтрансфераза), LPIN1 (липин, фосфатидатфосфатаза) и DGAT1 (диацилглицерин-О-ацилтрансфераза) (Osorio et al., 2016; Bionaz et al., 2020).

Появление и широкое использование технологий секвенирования следующего поколения (NGS, next generation sequencing) (Heather, Chain 2016) и ДНК-микрочипов (Bumgarner, 2013) позволило определить полные последовательности геномов большинства сельскохозяйственных животных, включая крупный рогатый скот (Zimin et al., 2009), и с помощью полногеномных ассоциативных исследований (GWAS, genome-wide association studies) (Dekkers, 2012; Коопрае, Koshkoiyeh, 2014) идентифицировать геномные варианты, связанные с экономически важными признаками,

В настоящее время признанным ДНК-маркером жирномолочности коров является полиморфизм DGAT1 K232A. Многочисленными исследованиями показана связь генотипа DGAT1 с повышенным содержанием молочного жира в молоке (Pausch et al., 2017; Cai et al., 2018; Cai et al., 2020; Ma et al., 2021; Khan et al., 2021). Было предложено несколько методов (ПЦР-ПДРФ, HRMA и РВ-ПЦР) для генотипирования полиморфизма DGAT1 K232A у крупного рогатого скота (Winter et al., 2002; Kong et al., 2007; Komisarek et al., 2008; Näslund et al., 2008;

Abdolmohammadi et al., 2011; Babii et al., 2018). Вместе с тем, данных о полиморфизме генов, кодирующих GPAM (Yu et al., 2021), LPIN1 (Han et al., 2019; Du et al., 2021) и AGPAT6, и его связи с содержанием жира в молоке коров крайне мало.

Фермент AGPAT6 (синоним GPAT4) относится к семейству 1-ацилглицерин-3-фосфат-О-ацилтрансфераз (EC 2.3.1.51) и является наиболее распространенной изоформой в молочной железе крупного рогатого скота (Beigneux et al., 2006; Bionaz et al., 2008). Ген, кодирующий AGPAT6, расположен на 27-й хромосоме, состоит из 14 экзонов и имеет длину около 30 965 пар нуклеотидов. Было обнаружено, что экспрессия гена *agpat6* увеличивается в первые 60 дней лактации коров (Bionaz, Looor 2008; Strucke et al., 2012). В настоящее время известен однонуклеотидный полиморфизм (SNP, single nucleotide polymorphism) rs211250281 (g27: 36520069 G/T), который расположен в промоторной области гена *agpat6*. С помощью GWAS была выявлена его связь с содержанием жира в молоке коров (Daetwyler et al., 2014; Littlejohn et al., 2014; Tribout et al., 2020; Wolf et al., 2021). Однако данных о распространении этого SNP среди разных пород крупного рогатого скота и о его связи с жирностью молока крайне мало. В связи с этим целью данной работы являлась оценка встречаемости полиморфизма rs211250281 гена *agpat6* у пород крупного рогатого скота.

### Материал и методы

Исследования проводились на образцах ДНК (n=344) восьми пород: айрширской (n=56), абердин-ангусской (n=27), герефордской (n=33), якутской (n=41), ярославской (n=48), калмыцкой (n=49), костромской (n=38) и черно-пестрой голштинизированной (n=49) из коллекции ФГБНУ ЦЭАЭРБ.

Генотипирование коров проводили методом ПЦР-ПДРФ. Для ПЦР использовали набор реагентов с высокоточной полимеразой Phusion Hot Start II High-Fidelity DNA Polymerase («Thermo Scientific» США). Реакционная смесь объемом 50 мкл содержала 10 мкл 5x буфера, 0,5 мкл Taq-полимеразы, по 5 мкл праймеров *agpat6\_0281-F:5'-GGAGCACGTCAACCAACACC-3'* и *agpat6\_0281-R:5'-AGT GCATATGTTCTGAACGCC A -3'* (рабочая концентрация каждого 0,2 мкМ) и 10 нг ДНК. Реакцию амплификации проводили при следующих условиях: начальная денатурация 30 сек. при 98°C (1 цикл); 10 сек. при 98°C, 30 сек. при 65°C, 30 сек. при 72°C (38 циклов). Результаты амплификации оценивали методом электрофореза в 1,2%-ном агарозном геле.

Рестрикционный анализ проводили в 20 мкл смеси, содержащей полученные ампликоны, 18 мкл воды, 2 мкл буфера R (Thermo Scientific, США) и 0,1 мкл (1 ед.) рестриктазы *NtuCI* (Thermo scientific, США) в течение 16 ч при 37°C. Результаты рестрикции оценивали методом электрофореза в 2%-ном агарозном геле.

Оценку частот встречаемости выявленных генотипов и аллелей проводили методом прямого подсчета:

$$P(A) = \frac{(2N_1 + N_2)}{2n}$$

где N1 – число гомозигот по исследуемому аллелю; N2 – число гетерозигот; n – объем выборки.

Статистическую ошибку частот аллелей генов вычисляли по формуле:

$$S(p) = \sqrt{\frac{pq}{n}}$$

где p – частота исследуемого аллеля; q = 1 - p; n – объем выборки.

Для оценки отклонения наблюдаемых генотипов от равновесия Харди-Вайнберга (избыток гетерозигот) использовалось значение  $\chi^2$ :

$$\chi^2 = \sum \frac{(H_o - H_e)^2}{H_e}$$

где H<sub>o</sub> – наблюдаемая гетерозиготность; H<sub>e</sub> – ожидаемая гетерозиготность.

## Результаты и обсуждение

В процессе исследования на основе анализа полиморфизма длин рестрикционных фрагментов (ПЦР-ПДРФ) разработан протокол генотипирования полиморфизма rs211250281 (g27:36520069 G/T), расположенного в промоторном участке гена *agpat6* крупного рогатого скота. Протокол включает в себя амплификацию участка гена длиной 340 п.н., содержащего полиморфный сайт, расщепление полученного ампликона с помощью эндонуклеазы *NmuCI* и электрофоретическое разделение полученных фрагментов ДНК. Генотип животного определяется на основании длин рестрикционных фрагментов. Гомозиготный генотип по аллелю G (генотип GG) характеризуется наличием на электрофореграмме двух фрагментов ДНК длиной 110 и 230 п.н.; в электрофоретическом спектре образцов, гомозиготных по аллелю T (генотип TT), определяется один фрагмент ДНК длиной 340 п.н.; для гетерозиготных образцов (генотип G/T) специфично наличие всех трёх фрагментов ДНК (340, 110 и 230 п.н.) (рис. 1). Результаты ПЦР-ПДРФ были валидированы секвенированием ампликонов по методу Сэнгера.

С помощью разработанного метода ПЦР-ПДРФ было проведено генотипирование коров восьми пород (айрширской, абердин-ангусской, герефордской, якутской, ярославской, калмыцкой, костромской и голштинизированной чёрно-пестрой) и были рассчитаны частоты встречаемости аллелей и генотипов (табл. 1).

Таблица 1. Частоты генотипов и аллелей замены rs211250281 в гене *agpat6*

Породы	Генотип	n	P	Аллель	n	P±S(p)	χ <sup>2</sup>
Ярославская	GT	21	0,438	G	67	0,698±0,066	0,068
	TT	4	0,083	T	29	0,302±0,066	
	GG	23	0,48				
Айрширская	GT	10	0,179	G	98	0,875±0,044	1,89
	TT	2	0,036	T	14	0,125±0,044	
	GG	44	0,789				
Костромская	GT	18	0,474	G	50	0,658±0,077	0,104
	TT	4	0,105	T	26	0,342±0,077	
	GG	16	0,421				
Чёрно-пёстра голландизированная	GT	27	0,551	G	57	0,581±0,070	0,857
	TT	7	0,143	T	41	0,419±0,070	
	GG	15	0,306				
Якутская	GT	9	0,22	G	71	0,866±0,053	0,124
	TT	1	0,024	T	11	0,134±0,053	
	GG	31	0,756				
Абердин-ангусская	GT	11	0,407	G	29	0,537±0,095	0,881
	TT	7	0,259	T	25	0,463±0,095	
	GG	9	0,333				
Калмыцкая	GT	17	0,347	G	67	0,683±0,066	1,92
	TT	7	0,149	T	31	0,317±0,066	
	GG	25	0,51				
Герефордская	GT	17	0,515	G	41	0,621±0,084	0,29
	TT	4	0,121	T	25	0,379±0,084	
	GG	12	0,363				

Примечания: \*P – частота встречаемости; \*\*S(p) – стандартная ошибка среднего

Согласно результатам GWAS, аллель T rs211250281 в гене *agpat6* ассоциирован с более низким содержанием жира в молоке коров (Daetwyler et al., 2014; Littlejohn et al., 2014; Tribout et al., 2020). Среди исследованных пород крупного рогатого скота наименьшие значения частоты встречаемости генотипа TT были выявлены у якутского скота (0,024), у

коров айрширской (0,036) и ярославской (0,083) пород (табл. 1). Якутскому скоту присуща высокая жирномолочность (в среднем 6-7%) (Корякина, 2013). Высокое содержание жира в молоке является одним из отличительных качеств ярославской породы, для которой значения массовой доли жира составляют от 4,0% до 4,8% (Филинская, 2017). Также высокая жирномолочность (4,2-4,9%) характерна для коров айрширской породы (Коновалов, 2009; Болгов, 2010; Новоселова, Холодова, 2015).

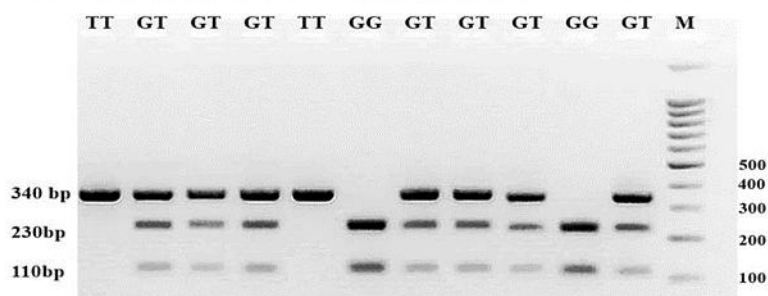


Рис. 1. Пример электрофоретического разделения продуктов рестрикции гена *agpat6* методом ПЦР-ПДРФ. Представлены гетерозиготный (GT) и гомозиготные (GG и TT) генотипы. М – маркер длин ДНК (100-1500 п.н., GeneRuler™ 100+ bp DNA Ladder, Евроген).

Для остальных исследованных пород крупного рогатого скота показатели массовой доли жира в молоке ниже и составляют 4,2-4,4% для калмыцкой и абердин-ангусской (Cole, Johansson, 1933; Нармаев, 1963), 3,9-4,0% для герефордской (Лукьянов, 2018), 3,7–3,8% для чёрно-пестрой голштинизированной (Соловьёва, 2017) и 3,8-4,2% для костромской пород (Баранов, 2019). Для этих пород показатели частоты встречаемости генотипа ТТ оказались выше – от 0,105 до 0,259 (табл. 1). Таким образом, прослеживается тенденция к уменьшению частоты встречаемости генотипа ТТ для *rs211250281* в гене *agpat6* у пород крупного рогатого скота с высокими показателями жирномолочности. Однако необходимы дальнейшие исследования по валидации полиморфизма *rs211250281* в гене *agpat6* как генетического маркера жирномолочности у разных пород и популяций крупного рогатого скота.

### Заключение

Исследование, проведенное методом ПЦР-ПДР на образцах ДНК восьми пород коров (айрширская, абердин-ангусская, герефордская, якутская, ярославская, калмыцкая, костромская и чёрно-пестрая голштинизированная) выявило низкий уровень встречаемости генотипа ТТ гена *agpat6* (*rs211250281*) у пород крупного рогатого скота с высокими показателями жирномолочности.

Работа выполнена в рамках Государственного задания Минобрнауки России (№121052600344-8).

### Список литературы

1. Баранов А. В., Парамонова Н. Ю., Баранова Н. С. и др. Костромская порода крупного рогатого скота в новом столетии: состояние и перспективы (обзор). // Аграрная наука Евро-Северо-Востока. 2019. Т. 20. № 6. С. 533-547.
2. Болгов А.Е. Всемирный конгресс айршироведов. // Сельскохозяйственные вести. 2010. № 1. С. 9-11.
3. Коновалов А.В., Москаленко Л.П. Оценка молочной продуктивности коров ярославской и айрширской пород в товарном стаде. // Вестник АПК Верхневолжья. 2009. № 4. С. 23-26.
4. Лукьянов В.Н. Формирование мясной продуктивности скота симментальской и черно-пестрой пород и

- помесей, полученных при скрещивании с быками британской и французской селекции: автореф. дисс...д.с.-х.н. М., ТСХА, 2018. 45 с.
5. Нармаев М.Б. Калмыцкий скот и его совершенствование. Элиста: Калмыцкое государственное издательство, 1963, 238 с.
  6. Новоселова К.С., Холодова Л.В. Молочная продуктивность и генетический потенциал айрширского скота в Республике Марий Эл. // Учёные записки Казанской государственной академии ветеринарной медицины им. Н. Э. Баумана. 2015. Т. 224. № 4. С. 158-163.
  7. Соловьёва О. И. Чёрно-пёстрая порода. // Большая российская энциклопедия, М. 2017. Т 34. С. 486.
  8. Тамарова Р.В. Создание высокопродуктивных племенных стад ярославской породы крупного рогатого скота. // Вестник АПК Верхневолжья. 2013. № 1. С. 31–35.
  9. Филинская О.В., Ивачкина О.В. Характеристика показателей лактации коров ярославской породы. // Вестник АПК Верхневолжья. 2017. № 4. С. 12-17.
  10. Abdolmohammadi A., Atashi H., Zamani P., Bottema C. High resolution melting as an alternative method to genotype diacylglycerol O-acyltransferase 1 (DGAT1) K232A polymorphism in cattle Czech. // J. Anim. Sci. 2011. Vol. 56. nr 8. P. 370-376.
  11. Babii A.V., Arkhipova A.L., Andreichenko I.N., Brigida A.V., Kovalchuk S.N. A TaqMan PCR assay for detection of DGAT1 K232A polymorphism in cattle. //AIMS Agriculture and Food. 2018. Vol.3. nr 3. P. 306-312.
  12. Beigneux A. P., Vergnes L., Qiao X. et al. Agpat6 – a novel lipid biosynthetic gene required for triacylglycerol production in mammary epithelium. // J. Lipid Res. 2006. Vol. 47. nr 1. P. 734-744.
  13. Bionaz M., Loor J. J. ACSL1, AGPAT6, FABP3, LPIN1, and SLC27A6 are the most abundant isoforms in bovine mammary tissue and their expression is affected by stage of lactation, // J. Nutr. 2008. Vol. 138. P. 1019-1024.
  14. Bionaz M., Vargas-Bello-Pérez E., Busato S. Advances in fatty acids nutrition in dairy cows: from gut to cells and effects on performance. // J. Anim. Sci. Biotechnol. 2020. Vol. 11. nr 1. P. 110.
  15. Cai Z., Dusza M., Guldbandsen B., Lund M.S., Sahana G. Distinguishing pleiotropy from linked QTL between milk production traits and mastitis resistance in Nordic Holstein cattl. // Genet. Sel. Evol. 2020. Vol. 52. nr 1. P. 19.
  16. Cai Z., Guldbandsen B., Lund M. S., Sahana G. Dissecting closely linked association signals in combination with the mammalian phenotype database can identify candidate genes in dairy cattle. // BMC Genet. 2018. Vol. 19. P. 30.
  17. Cole L.J., Johansson I. The yield and composition of milk from aberdeen-angus cows. // J. Dairy Sci. 1933. Vol. 16. P. 565-580.
  18. Daetwyler H. D., Capitan A., Pausch H. et al. Whole-genome sequencing of 234 bulls facilitates mapping of monogenic and complex traits in cattle. // Nat. Genet. 2014. Vol. 46. P. 858-865.
  19. Dekkers J.C. Application of genomics tools to animal breeding. // Curr. Genom. 2012. Vol. 13. nr 3. P. 207-212.
  20. Han B., Yuan Y., Liang R., Li Y., Liu L., Sun D. Genetic Effects of LPIN1 Polymorphisms on milk production traits in dairy cattle // Genes (Basel). 2019. Vol. 10. nr 4. P. 265.
  21. Heather J.M., Chain B. The sequence of sequencers: the history of sequencing DNA. // Genomics. 2016. Vol. 107. nr 1. P. 1-8.
  22. Jensen R. G. The composition of bovine milk lipids: January 1995 to December 2000. // J. Dairy Sci. 2002. Vol. 85. nr 2. P. 295-350.
  23. Khan M. Z., Ma Y., Ma J. et al. Association of DGAT1 with cattle, buffalo, goat, and sheep milk and meat production traits. // Front. Vet. Sci. 2021. Vol. 8. P. 712470.
  24. Komisarek J., Michalak A. A relationship between DGAT1 K232A polymorphism and selected reproductive traits in Polish Holstein-Friesian cattle. //Anim. Sci. Pap. Rep. 2008. Vol. 26. P.89–95.
  25. Kong H. S., Oh J. D., Lee J. H. et al. Association of sequence variations in DGAT 1 gene with economic traits in Hanwoo (Korea cattle). // Anim. Biosci. 2007. Vol. 20. P. 817–820.
  26. Koopaee H. K., Koshkoiyeh A. E. SNPs genotyping technologies and their applications in farm animals breeding programs. // Braz. Arch. Biol. Techn. 2014. Vol. 57. P. 87-95.
  27. Littlejohn M. D., Tiplady K., Lopdell T. et al. Expression variants of the lipogenic AGPAT6 gene affect diverse milk composition phenotypes in Bos Taurus. // PLoS One. Vol. 9. nr 1. P. e85757.
  28. Ma Y., Khan M. Z., Xiao J. et al. Genetic markers associated with milk production traits in dairy cattle // Agriculture. 2021. Vol. 11. P. 1018.
  29. Näslund J., Fikse W. F., Pielberg G. R., Lundén A. Frequency and effect of the bovine Acyl-CoA: diacylglycerol acyltransferase 1 (DGAT1) K232A polymorphism in Swedish dairy cattle. // J. Dairy Sci. 2008. Vol. 91. P. 2127-2134.
  30. Osorio J. S., Lohakare J., Bionaz M. Biosynthesis of milk fat, protein, and lactose: roles of transcriptional and posttranscriptional regulation. // Physiol. Genomics. 2016. Vol. 48. nr 4. P. 231-256.

31. Pausch H., MacLeod I. M., Fries R. et al. Evaluation of the accuracy of imputed sequence variant genotypes and their utility for causal variant detection in cattle. // *Genet. Sel. Evol.* 2017. Vol. 49. P. 24.
32. Strucken E. M., Bortfeldt R. H., Tetens J., Thaller G., Brockmann G. A. Genetic effects and correlations between production and fertility traits and their dependency on the lactation-stage in Holstein Friesians. // *BMC Genet.* 2012. Vol. 13. P. 108.
33. Tribout T., Croiseau P., Lefebvre R. et al. Confirmed effects of candidate variants for milk production, udder health, and udder morphology in dairy cattle. // *Genet. Sel. Evol.* 2020. Vol. 52. nr 1. P. 55.
34. Wolf M. J., Yin T., Neumann G.B. et al. Genome-wide association study using whole-genome sequence data for fertility, health indicator, and endoparasite infection traits in German Black Pied cattle // *Genes (Basel)*. 2021. Vol. 12. nr 8. P. 1163.
35. Yu H., Zhao Y. et al. Effects of polymorphism of the GPAM gene on milk quality traits and its relation to triglyceride metabolism in bovine mammary epithelial cells of dairy cattle. // *Arch. Anim. Breed.* 2021. Vol. 64. P. 35-44.
36. Zimin A. V., Delcher A. L., Florea L. et al. A whole-genome assembly of the domestic cow, *Bos taurus*. // *Genome Biol.* 2009. Vol. 10. nr 4. P. 42.

#### **References (for publications in Russian)**

1. Baranov A.V., Paramonova N.Yu., Baranova N.S. et al. [Kostroma breed of cattle in the new century: state and prospects: a review]. *Agrarnaya nauka Evro-Severo-Vostoka - Agricultural science of the Euro-North-East*. 2019. **20(6)**: 533-547.
2. Bolgov A.E. [World Congress of Ayrshelologists]. *Sel'skokhozyaistvennye vesti - Agricultural news*. 2010. **1**: 9-11.
3. Filinskaya O.V., Ivachkina O.V. [Description of the lactation indicators of the cows of the Yaroslavl breed]. *Vestnik APK Verkhnevolzh'ya - Bulletin of the APK of the Upper Volga*. 2017. **4**: 12-17.
4. Konovalov A.V., Moskalenko L.P. [Assessment of dairy productivity of the cows of the Yaroslavl and Airshirskaya breeds in a commodity herd]. *Vestnik APK Verkhnevolzh'ya - Bulletin of the agricultural sector of the Upper Volga*. 2009. **4**: 23-26.
5. Koryakina L.P. [Local breeds: native Yakut cattle]. *Farm Animals*. 2013. **2**: 43-47.
6. Luk'yanov V.N. *Formirovanie myasnoi produktivnosti skota simmental'skoi i cherno-pestroi porod i pomesei, poluchennykh pri skreshchivanii s bykami britanskoi i frantsuzskoi seleksii* (Formation of meat productivity of cattle of Simmental and Black-and-White breeds and crossbreeds obtained by crossing with bulls of British and French selection). Extended Abstr. Diss. Dr. Agric. Sci. Moscow: TSCA, 2018. 45 p.
7. Narmaev M.B. *Kalmytskii skot i ego sovershenstvovanie* (Kalmyk cattle and its improvemen). Elista: Kalmyk State Publ. House, 1963. 238 p.
8. Novoselova K.S., Kholodova L.V. [Milk productivity and genetic potential of Ayrshire cattle in the Republic of Mari El]. *Uchenye zapiski Kazanskoi gosudarstvennoi akademii veterinarnoi meditsiny im. N. E. Baumana - Scientific notes of the Bauman Kazan State Academy of Veterinary Medicine*. 2015. **224(4)**: 158-163.
9. Solov'eva O. I. [Black and motley breed]. *Bol'shaya rossiiskaya entsiklopediya - Great Russian Encyclopedia*. Moscow. 2017. Vol. 34. P. 486.
10. Tamarova R.V. [Creation of highly productive breeding herds of the Yaroslavl breed of cattle]. *Vestnik APK Verkhnevolzh'ya - Bulletin of the APK of the Upper Volga*. **1**: 31-35.

UDC 636.2:636.082:577.21

**Frequency assessment of SNP rs211250281 of the AGPAT6 gene  
in cattle breeds**

Arkhipova A.L., Kovalchuk S.N.

*Institute of Innovative Biotechnologies in Animal Husbandry – Branch of Federal  
Research Center for Animal Husbandry – Ernst VIZH. Podolsk-Dubrovitsy,  
Moscow oblast, Russian Federation*

**ABSTRACT.** Selection of cattle with high milk fat content is one of the important tasks of dairy cattle breeding. In this regard, the search for DNA markers associated with milk fat content is relevant. Gene encoding glycerol-3-phosphate acyltransferase 6 (AGPAT6) involved in triacylglycerol biosynthesis is one of such candidate genes. The SNP rs211250281 (g27: 36520069 G/T) in *agpat6* gene was found to located in the promoter region and was associated with the milk fat content in cattle. The aim of this study was frequency assessment of SNP rs211250281 of the *agpat6* gene in different breeds of Russian selection. The studies were carried out on DNA samples from eight cattle breeds: Ayrshire (n=56), Angus (n=27), Hereford (n=33), Yakut (n=41), Yaroslavl (n=48), Kalmyk (n=49), Kostroma (n=38) and holsteinized Black-and-White cows (n=49). Genotyping of cows was carried out by PCR-RFLP method. The lowest values of TT genotypes frequency were found in cattle breeds with high levels of milk fat content.

*Keywords: cattle, milk fat content, genotyping, agpat6 gene, single nucleotide polymorphism, frequency of occurrence.*

**Problemy biologii productivnykh zhivotnykh - Problems of Productive Animal Biology. 2022. 2: 27-33.**

Поступило в редакцию: 01.03.2022

Получено после доработки: 13.06.2022

Сведения об авторах:

**Архипова Анна Леонидовна**, м.н.с. 8(906)735-04-85; kamfora3@gmail.com

**Ковальчук Светлана Николаевна**, с.н.с., к.б.н., 8(916)926-90-37; s.n.kovalchuk@mail.ru