СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫЕ НАУКИ. ВЕТЕРИНАРИЯ И ЗООТЕХНИЯ

DOI: 10.32786/2071-9485-2020-04-24

THE USE OF CDKL2 GENE SECTION SEQUENCING TO SEARCH POLYMORPHIC VARIANTS IN THE GENOME OF CHICKENS

O. V. Mirtofanova, N. V. Dementieva, A. A. Krutikova, I. A. Meftach,
K. V. Plemyashov

Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding — Branch of the L.K. Ernst Federal Science Center for Animal Husbandry, Sankt-Petersburg, Russia

Received 16.10.2020

Submitted 02.12.2020

The work was carried out with the financial support of the Russian Foundation for Basic Research in the framework of the scientific project No. 18-016-00114 using chicken populations of the bioresource collection "Genetic collection of rare and endangered chicken breeds" (RRIFAGB, St. Petersburg, Pushkin).

Summary

The article presents the results of the analysis of polymorphism in the CDKL2 gene in the genome of chickens of gene pool breeds, obtained using Sanger sequencing. The frequencies of genotypes and alleles were calculated for four substitutions identified during in silico analysis. Samples where genetic balance disorder was observed.

Abstract

Introduction. The relevance of the study is due to the fact that the search for genetic factors that affect the productive qualities of chickens of gene pool and local breeds continues. Despite the fact that many loci associated with the growth rate and live weight are known, there remains a significant number of unexplored factors, knowledge of which may be in demand in projects to create modern domestic highly productive chicken crosses. **Object.** The object of our study was chickens of the Rhode Island ($n = 11$), Pushkin ($n = 16$), Yurlov ($n = 16$), Russian White ($n = 16$) breeds from the Genetic Collection of Rare and Endangered Breeds of Chickens. **Materials and methods.** DNA was isolated from frozen blood from chickens using methods based on the use of proteinase K and phenol. Using in silico search, the CDKL2 gene was found as a candidate gene associated with body weight in chickens. To determine the variants of genetic polymorphism in this gene, the international databases NCBI and ENSEMBL were analyzed, as a result of which single nucleotide substitutions were identified. To detect the detected polymorphisms, a special primer design was developed, selected in the BLAST NCBI program. The search for polymorphic variants was carried out by sequencing the site of the candidate locus. For this, an Applied Biosystems 3500 Genetic Analyzer and BigDye® Terminator v3.1 Sequencing Standard Kit (Applied Biosystems) was used according to the manufacturer's protocol. Sequence alignment was performed using Mega 6.0 software. Biometric processing of digital data was performed using Microsoft Excel programs. **Results and conclusion.** In silico analysis of databases, four polymorphic loci were found in the intron of the CDKL2 gene associated with body weight in chickens. In the course of Sanger sequencing to replace rs14449653 in chickens of the Rhode Island ($n = 11$) and Russian White ($n = 16$) breeds, only AA homozygotes were identified. In the sample of Pushkin breed chickens ($n = 16$), GG homozygotes predominated. A violation of the genetic balance was noted in the sample of Pushkin breed chickens according to rs14449653 ($\chi^2=6.30$), in the Rhode Islands according to rs16388214 ($\chi^2=4.18$). In the sample of Yurlovskaya chickens ($n = 16$), no genetic balance was observed for all SNPs. The frequency of occurrence of allele A for rs14449653 was equal to 1 in chickens of egg breeds. According to the replacement rs16388214 in representatives of this direction of productivity, the frequency of the T allele was 0.850 in the Rhode Islands and 0.937 in Russian white chickens. For the rest of the substitutions, no obvious differences were found between the breeds selected for analysis.

Key words: chickens, DNA, sequencing, single nucleotide polymorphism, live weight.

Citation. Mirtofanova O. V., Dementieva N. V., Krutikova A. A., Meftach I. A., Plemyashov K. V. Use of CDKL2 gene section sequencing to search polymorphic variants in the genome of chickens *Proc. of the Lower Volga Agro-University Comp.* 2020. 4(60). 246-252 (in Russian). DOI: 10.32786/2071-9485-2020-04-24

Author's contribution. Each author participated in the collection of material for research, data analysis and preparation of the manuscript

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

УДК 636.034

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ СЕКВЕНИРОВАНИЯ УЧАСТКА ГЕНА CDKL2 ДЛЯ ПОИСКА ПОЛИМОРФНЫХ ВАРИАНТОВ В ГЕНОМЕ КУР

О. В. Митрофанова, кандидат биологических наук

Н. В. Дементьева, кандидат биологических наук

А. А. Крутикова, кандидат биологических наук

И. А. Мефтач, аспирант

К. В. Племяшов, доктор ветеринарных наук

Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных – филиал Федерального государственного бюджетного научного учреждения Федеральный научный центр животноводства – ВИЖ имени академика Л. К. Эрнста, г. Санкт-Петербург - Пушкин

Дата поступления в редакцию 16.10.2020

Дата принятия к печати 02.12.2020

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского фонда фундаментальных исследований в рамках научного проекта № 18-016-00114 с использованием популяций кур ЦКП «Генетическая коллекция редких и исчезающих пород кур» (ВНИИГРЖ, Санкт-Петербург, Пушкин)

Актуальность исследования обусловлена тем, что в настоящее время продолжается поиск генетических факторов, оказывающих влияние на продуктивные качества кур генофондных и локальных пород. Несмотря на то, что известно множество локусов, ассоциированных со скоростью роста и живой массой, остается значительное число неизученных факторов, знания о которых могут быть востребованными в проектах по созданию современных отечественных высокопродуктивных кроссов кур. **Объект.** Объектом нашего исследования послужили куры пород род-айланд (n=11), пушкинская (n=16), юрловская (n=16), русская белая (n=16) из ЦКП «Генетическая коллекция редких и исчезающих пород кур». **Материалы и методы.** ДНК была выделена из замороженной после взятия крови кур с помощью методов, основанных на использовании протеиназы К и фенола. С помощью поиска *in silico* в качестве гена-кандидата, ассоциированного с показателями живой массы у кур, был найден ген *CDKL2*. Для определения вариантов генетического полиморфизма в этом гене проанализированы международные базы данных NCBI и ENSEMBL, в результате чего выявлены одиночные нуклеотидные замены. Для детекции обнаруженных полиморфизмов разработали специальный дизайн праймеров, подобранный в программе BLAST NCBI. Поиск полиморфных вариантов осуществлялся методом секвенирования участка кандидатного локуса. Для этого использовали набор реагентов Applied Biosystems 3500 Genetic Analyzer и BigDye® Terminator v3.1 Sequencing Standard Kit (Applied Biosystems) согласно протоколу изготовителя. Выравнивание последовательностей проводили в программе Mega 6.0. Биометрическая обработка цифровых данных выполнена с помощью программ Microsoft Excel. **Результаты и выводы.** При анализе баз данных, проводимом *in silico*, были обнаружены четыре полиморфных локуса в интроне гена *CDKL2*, связанного с живой массой у кур. В ходе секвенирования по Сенгеру по замене rs14449653 у кур пород род-айланд (n=11) и русская белая (n=16) выявлены только гомозиготы AA. В выборке кур пушкинской породы (n=16) преобладали гомозиготы GG. Отмечено нарушение генетического равновесия в выборке кур пушкинской породы по rs14449653 ($\chi^2=6,30$), у род-айландов по rs16388214

($\chi^2=4,18$). В выборке кур юрловской породы ($n=16$) по всем SNPs нарушения генетического равновесия не наблюдалось. Частота встречаемости аллели А по rs14449653 оказалась равна 1 у кур яичных пород. По замене rs16388214 у представителей этого направления продуктивности частота аллели Т составила 0,850 у род-айландов и 0,937 у русских белых кур. По остальным заменам явных отличий между выбранными для анализа породами выявлено не было.

Ключевые слова: селекция птицы, ДНК кур, генофонд кур, полиморфизм генов, живая масса кур.

Цитирование. Митрофанова О. В., Дементьева Н. В., Крутикова А. А., Мефтах И. А., Племяшов К. В. Использование секвенирования участка гена *CDKL2* для поиска полиморфных вариантов в геноме кур генофондных пород. Известия *НВ АУК*. 2020. 4 (60). 246-252. DOI: 10.32786/2071-9485-2020-04-24

Авторский вклад. Каждый автор участвовал в сборе материала для исследования, анализе данных и подготовке рукописи.

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Введение. Использование материала генофондных пород кур в ходе изучения фундаментальных основ формирования различных продуктивных признаков является обязательным условием получения необходимого для поиска важных взаимосвязей размаха изменчивости. Это обусловлено высоким уровнем генетического разнообразия в таких популяциях, что отличает их от узкоспециализированных промышленных кроссов [1]. ЦКП «Генетическая коллекция редких и исчезающих пород кур» (ВНИИГРЖ, г. Санкт-Петербург-Пушкин) в настоящее время включает в себя 40 пород и популяций кур различного направления продуктивности [2].

Поиск участков генома, ассоциированных со скоростью роста и живой массой у кур, является актуальной задачей современной селекции [5]. Это связано с тем, что в птицеводстве, особенно промышленном, возможности традиционных методов совершенствования популяций практически исчерпаны. Важной задачей в связи с этим становится разработка методов и подходов, основанных на геномной оценке [9].

В настоящее время как локусы, участвующие в формировании живой массы у животных, определены различные участки в геноме, в том числе и гены [4, 7, 8]. Благодаря широкому внедрению полногеномного генотипирования с применением чипов различной плотности, стало возможным выявлять несколько тысяч однонуклеотидных замен (single nucleotide polymorphism, SNP) у различных животных [6]. Это дает возможность находить значимые ассоциации полиморфных вариантов с признаками продуктивности.

Целью нашего исследования было с помощью метода секвенирования по Сенгеру детектировать полиморфные варианты в гене *CDKL2* у кур генофондных пород и оценить уровень полиморфизма на этом участке генома.

Объект исследования. Объектом нашего исследования послужили куры пород род-айланд ($n=11$), пушкинская ($n=16$), юрловская ($n=16$), русская белая ($n=16$) из ЦКП «Генетическая коллекция редких и исчезающих пород кур».

Материалы и методы. Материалом для исследования стала ДНК, выделенная из замороженной после взятия крови кур с помощью методов, основанных на использовании протеиназы К и фенола.

Для анализа были сформированы выборки из животных одного возраста, содержащиеся в одинаковых условиях. При рождении куры помечались индивидуальными крылометками, что позволило идентифицировать каждое животное в течение всего периода жизни.

С помощью поиска *in silico* в качестве гена-кандидата, ассоциированного с показателями живой массы у кур, был найден ген *CDKL2* [3]. Для определения вариантов генетического полиморфизма в этом гене проанализированы международные базы дан-

ных NCBI и ENSEMBL, в результате чего выявлены одиночные нуклеотидные замены. Для детекции обнаруженных полиморфизмов разработали специальный дизайн праймеров, подобранный в программе BLAST NCBI. Использовали праймеры следующего состава: прямой – F_BW214 5'-GGTGGTTGTATCCCAGTCTGAT и обратный – R_BW214 5'-GGTGGGAGCTTTGCAGGTATT.

Поиск полиморфных вариантов осуществлялся методом секвенирования по Сэнгеру участка кандидатного локуса. Для этого использовали набор реагентов Applied Biosystems 3500 Genetic Analyzer и BigDye® Terminator v3.1 Sequencing Standard Kit (Applied Biosystems) согласно протоколу изготовителя. Выравнивание последовательностей проводили в программе Mega 6.0. Биометрическая обработка цифровых данных выполнена с помощью программ Microsoft Excel.

Результаты и обсуждение. При анализе баз данных, проводимом *in silico*, были обнаружены четыре полиморфных локуса в интроне гена CDKL2, связанного с живой массой у кур (таблица 1). Это четыре SNPs, расположенные на близком расстоянии друг от друга на хромосоме 4 кур.

Таблица 1 – Однонуклеотидные замены, выявленные на участке гена CDKL2 у кур в ходе анализа *in silico*

Table 1 – Single-nucleotide polymorphisms identified in the CDKL2 gene region in chickens during *in silico* analysis

SNP	Генетические варианты / Genetic variants	Локализация / Localization	Позиция в геноме / Position in the genome	Ссылка на базу данных / Database link
rs14449653	G/A	CDKL2, intron variant	4:34055082	ENSGALG00000010119
rs16388214	T/C	CDKL2, intron variant	4:34055171	ENSGALG00000010119
rs313452189	T/C	CDKL2, intron variant	4:34055185	ENSGALG00000010119
rs314407159	T/C	CDKL2, intron variant	4:34055270	ENSGALG00000010119

На рисунке 1 представлена часть полученных в ходе секвенирования последовательностей в гене CDKL2. Изучаемый участок расположен в интроне изучаемого гена. Продукт этого гена является членом большого семейства CDC2-родственных серин/треонин протеинкиназ. Связь полиморфизма в этом гене с живой массой была показана ранее в работах китайских исследователей.

Рисунок 1 – Часть результатов секвенирования целевого участка гена CDKL2 кур. Каждая строка соответствует одному животному, в прямоугольных рамках обозначены полиморфные участки

Figure 1 – Part of the results of sequencing the target region of the chicken CDKL2 gene. Each line corresponds to one animal, polymorphic areas are indicated in rectangular frames

Уровень полиморфизма по изученным в ходе анализа SNPs представлен в таблице 2. По замене rs14449653 у кур пород род-айланд (n=11) и русская белая (n=16) в ходе определения последовательности ДНК выявлены только гомозиготы AA. В выборке кур пушкинской породы (n=16) преобладали гомозиготы GG.

Таблица 2 – Полиморфизм участка гена CDKL2, определенный с помощью секвенирования по Сенгеру у кур опытных групп ЦКП «Генетическая коллекция редких и исчезающих пород кур»

Table 2. – Polymorphism of the CDKL2 gene region determined by Sanger sequencing in chickens from the experimental groups of the Genetic Collection of Rare and Endangered Chicken Breeds Center

SNP	Гено- типы, аллели / Genoty pes, alleles	Порода кур / Breed of chickens			
		Род- айланд / Rhode Island breed n=11	Пуш- кинская / Pushkin breed n=16	Юр- ловская / Yurlov breed n=16	Русская белая / Russian white n=16
653	rs14449	AA	1,00	0,125	0,687
		AG	0,00	0,125	0,250
		GG	0,00	0,750	0,063
		A	1,00	0,187	0,813
		G	0	0,813	0,187
		χ^2	-	6,30	0,653
214	rs16388	CC	0,10	0,250	0,062
		CT	0,10	0,438	0,313
		TT	0,80	0,312	0,625
		C	0,150	0,469	0,219

		T	0,850	0,531	0,781	0,937
		χ^2	4,18	0,22	0,166	0,05
2189	rs31345	CC	0,300	0,437	0,062	0,625
		CT	0,200	0,437	0,313	0,375
		TT	0,500	0,125	0,625	0,000
		C	0,400	0,656	0,219	0,812
		T	0,600	0,344	0,781	0,188
		χ^2	3,39	0,03	0,166	0,82
7159	rs31440	CC	0,300	0,375	0,062	0,375
		CT	0,500	0,437	0,438	0,500
		TT	0,200	0,188	0,500	0,125
		C	0,550	0,594	0,281	0,625
		T	0,450	0,406	0,719	0,375
		χ^2	0,01	0,150	0,085	0,076

Нарушено генное равновесие в выборке кур пушкинской породы по rs14449653 ($\chi^2 = 6,30$), у род-айланда по rs16388214 ($\chi^2 = 4,18$). Это может быть связано с особенностями формирования выборки, так как для секвенирования взята ДНК небольшого количества животных. Возможно, повлияли и те селекционные приемы, которые использовали при разведении пород в рамках коллекции, например, включение в разведение ограниченного числа производителей.

В выборке кур юрловской породы (n=16) по всем SNPs нет нарушения генетического равновесия. Замены rs16388214 и rs313452189 наследовались сцеплено.

Частота встречаемости аллели А по rs14449653 равна 1 у кур яичных пород, таких как род-айланд и русская белая. По замене rs16388214 у представителей этого направления продуктивности частота аллели Т составила 0,850 у род-айландов и 0,937 у русских белых кур, что выше, чем у других пород. По остальным заменам явных отличий между выбранными для анализа породами выявлено не было.

Библиографический список

1. Разведение малочисленных и редких пород кур / И. А. Паронян [и др.] // Генетика и разведение животных. 2016. № 4. С. 62-66.
2. Шабанова С. А., Макарова А. В., Карклин А. И. Значение новых популяций кур и их использование // Известия Санкт-Петербургского государственного аграрного университета. 2015. № 39. С. 158-161.
3. A multiallelic indel in the promoter region of the Cyclin-dependent kinase inhibitor 3 gene is significantly associated with body weight and carcass traits in chickens / W. Li [et al.] // Poult Sci. 2019. V. 98(2). P. 556-565.
4. Applications of myostatin (MSTN) gene in the livestock animals and humans / W. A. Ahad [et al.] // Int. J. Curr. Microbiol. App. Sci. 2017. V.6. № 9. P. 1807-1811.
5. Association of polymorphic variants in MSTN, PRL, and DRD2 genes with intensity of young animal growth in Pushkin breed chickens / O. V. Mitrofanova [et al.] // Cytology and Genetics. 2017. V. 51. № 3. P. 179-184. <https://doi.org/10.3103/S0095452717030082>.
6. Efficient SNP Discovery by Combining Microarray and Lab-on-a-Chip Data for Animal Breeding and Selection / C.-W. Huang [et al.] // Microarrays (Basel). 2015. V. 4. № 4. P. 570-595.
7. Expression and effect of Calpain9 gene genetic polymorphism on slaughter indicators and intramuscular fat content in chickens / H. X. Cui [et al.] // Poultry science. 2018. V. 97. № 10. P. 3414-3420. <https://doi.org/10.3382/ps/pey232>.

8. Mapping QTL for white striping in relation to breast muscle yield and meat quality traits in broiler chickens / E. Pampouille [et al.] // BMC Genomics. 2018. V. 19. N. 202. <https://doi.org/10.1186/s12864-018-4598-9>.

9. Yakovlev A. F., Dement'eva N. V. Evaluation of the genome in bird breeding // Vavilovskii Zhurnal Genetiki i Seleksii=Vavilov Journal of Genetics and Breeding. 2017. V. 21. № 7. P. 770-777.

Conclusions. In silico analysis of databases, four polymorphic loci were found in the intron of the CDKL2 gene associated with body weight in chickens. In the course of Sanger sequencing to replace rs14449653 in chickens of the Rhode Island (n = 11) and Russian White (n = 16) breeds, only AA homozygotes were identified. In the sample of Pushkin breed chickens (n = 16), GG homozygotes predominated.

A violation of the genetic balance was noted in the sample of Pushkin breed chickens according to rs14449653 ($\chi^2 = 6.30$), in the Rhode Islands according to rs16388214 ($\chi^2 = 4.18$). In the sample of Yurlovskaya chickens (n = 16), no genetic balance was observed for all SNPs. The frequency of occurrence of allele A for rs14449653 was equal to 1 in chickens of egg breeds. According to the replacement rs16388214 in representatives of this direction of productivity, the frequency of the T allele was 0.850 in the Rhode Islands and 0.937 in Russian white chickens. For the rest of the substitutions, no obvious differences were found between the breeds selected for analysis.

Reference

1. Breeding of indigenous and rare breeds of chickens / I. A. Paronyan [et al.] // Genetics and animal breeding. 2016. No. 4. P. 62-66.

2. Shabanova S. A., Makarova A. B., Karklin A. I. Value of new chickens populations and their // Izvestiya Saint-Petersburg state agrarian university. 2015. № 39. P. 158-161.

3. A multiallelic indel in the promoter region of the Cyclin-dependent kinase inhibitor 3 gene is significantly associated with body weight and carcass traits in chickens / W. Li [et al.] // Poult Sci. 2019. V. 98(2). P. 556-565.

4. Applications of myostatin (MSTN) gene in the livestock animals and humans / W. A. Ahad [et al.] // Int. J. Curr. Microbiol. App. Sci. 2017. V.6. № 9. P. 1807-1811.

5. Association of polymorphic variants in MSTN, PRL, and DRD2 genes with intensity of young animal growth in Pushkin breed chickens / O. V. Mitrofanova [et al.] // Cytology and Genetics. 2017. V. 51. № 3. P. 179-184. <https://doi.org/10.3103/S0095452717030082>.

6. Efficient SNP Discovery by Combining Microarray and Lab-on-a-Chip Data for Animal Breeding and Selection / C.-W. Huang [et al.] // Microarrays (Basel). 2015. V. 4. № 4. P. 570-595.

7. Expression and effect of Calpain9 gene genetic polymorphism on slaughter indicators and intramuscular fat content in chickens / H. X. Cui [et al.] // Poultry science. 2018. V. 97. № 10. P. 3414-3420. <https://doi.org/10.3382/ps/pey232>.

8. Mapping QTL for white striping in relation to breast muscle yield and meat quality traits in broiler chickens / E. Pampouille [et al.] // BMC Genomics. 2018. V. 19. N. 202. <https://doi.org/10.1186/s12864-018-4598-9>.

9. Yakovlev A. F., Dement'eva N. V. Evaluation of the genome in bird breeding // Vavilovskii Zhurnal Genetiki i Seleksii=Vavilov Journal of Genetics and Breeding. 2017. V. 21. № 7. P. 770-777.

Authors Information

Mitrofanova Olga Viktorovna - scientific secretary of Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding — Branch of the L.K. Ernst Federal Science Center for Animal Husbandry (Russia, 196601, Sankt-Petersburg, Puchkin, Moskovskoe schosse, 55A), candidate of biological sciences, 8 (812) 451-60-05 e-mail: mo1969@mail.ru.

Dementieva Natalia Viktorovna - Main Researcher, Laboratory of Molecular Genetics of Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding — Branch of the L.K. Ernst Federal Science Center for Animal Husbandry (Russia, 196601, Sankt-Petersburg, Puchkin, Moskovskoe schosse, 55A), candidate of biological sciences, 8 (812) 451-60-05, e-mail: dementevan@mail.ru.

Krutikova Anna Alekseevna - researcher Laboratory of Molecular Genetics of Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding — Branch of the L.K. Ernst Federal Science Center for Animal Husbandry (Russia, 196601, Sankt-Petersburg, Puchkin, Moskovskoe schosse, 55A), candidate of biological sciences, 8 (812) 451-60-05, e-mail: anntim2575@mail.ru

Meftah Inessa Ahmedovna - graduate student Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding — Branch of the L.K. Ernst Federal Science Center for Animal Husbandry (Russia, 196601, Sankt-Petersburg, Puchkin, Moskovskoe schosse, 55A), tel. 8 (812) 451-76-63, e-mail:

Plemyashov Kirill Vladimirovich - main researcher, Reproduction Department of Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding — Branch of the L.K. Ernst Federal Science Center for Animal Husbandry (Russia, 196601, Sankt-Petersburg, Puchkin, Moskovskoe schosse, 55A), doctor of science, tel. 8 (812) 451-76-63, e-mail: kirill060674@mail.ru

Информация об авторах

Митрофанова Ольга Викторовна - учёный секретарь ВНИИГРЖ (РФ, 196601, г. Санкт-Петербург-Пушкин, Московское шоссе, 55А), тел. 8 (812) 451-60-05, кандидат биологических наук, e-mail: mo1969@mail.ru

Дементьева Наталия Викторовна - ведущий научный сотрудник лаборатории молекулярной генетики ВНИИГРЖ (РФ, 196601, г. Санкт-Петербург-Пушкин, Московское шоссе, 55А), тел. 8 (812) 451-60-05, кандидат биологических наук, e-mail: dementevan@mail.ru.

Крутикова Анна Алексеевна – старший научный сотрудник, лаборатории молекулярной генетики ВНИИГРЖ (РФ, 196601, г. Санкт-Петербург-Пушкин, Московское шоссе, 55А), тел. 8 (812) 451-60-05, кандидат биологических наук, e-mail: anntim2575@mail.ru

Мефтах Инесса Ахмедовна – аспирант ВНИИГРЖ (РФ, 196601, г. Санкт-Петербург-Пушкин, Московское шоссе, 55А), тел. 8 (812) 451-60-05.

Племяшов Кирилл Владимирович – главный научный сотрудник отдела воспроизводства ВНИИГРЖ (РФ, 196601, г. Санкт-Петербург-Пушкин, Московское шоссе, 55А), тел. 8 (812) 451-60-05, доктор ветеринарных наук, член-корреспондент РАН, e-mail: kirill060674@mail.ru.