

ISSN 1817-7204 (Print)

ISSN 1817-7239 (Online)

**ЖЫВЁЛАГАДОЎЛЯ І ВЕТЭРЫНАРНАЯ МЕДЫЦЫНА**  
**ANIMAL HUSBANDRY AND VETERINARY MEDICINE**

УДК 636.32/38.082.12

<https://doi.org/10.29235/1817-7204-2025-63-2-145-153>

Поступила в редакцию 05.08.2024

Received 05.08.2024

**А. А. Оздемиров, А. А. Хожоков**

*Федеральный аграрный научный центр Республики Дагестан, Махачкала, Российская Федерация*

**ВЛИЯНИЕ ГЕНОВ НА РОСТ И РАЗВИТИЕ ИССЛЕДУЕМОГО ПОГОЛОВЬЯ  
ПОМЕСНЫХ ОВЕЦ**

**Аннотация.** Объектом исследования являются гены *CAST* (специфический ингибитор кальпаина), *GH* (ген гормона роста) и *GDF9* (экспрессируется в ооцитах и необходим для фолликулогенеза яичников). Предмет исследования – генетическая структура помесей второго поколения мелкого рогатого скота. Целью исследований является изучение генетического полиморфизма у помесей мелкого рогатого скота. Научная новизна заключается в изучении аллельных вариантов генов посредством генотипирования помесных баранов поколения F2 в условиях Республики Дагестан. Были использованы метод гель-электрофореза, ПЦР-ПДРФ метод – с целью генотипирования в исследуемой выборке по генам *GH*, *GDF9*, *CAST*. При помощи стандартного набора формул осуществлялся генетико-статистический анализ. Полиморфизм гена *CAST* был представлен аллелью *M* с высокой (0,9) и аллелью *N* с низкой (0,1) частотой встречаемости. Гомозиготные генотипы *CAST<sup>MM</sup>* и *CAST<sup>NN</sup>*, а также гетерозиготный *CAST<sup>MN</sup>* распределились в следующем соотношении: 86,6; 6,7; 6,7 % соответственно. Своеобразие аллельного спектра гена *GH*, представленного двумя аллелями и двумя генотипами – *GH<sup>A</sup>* и *GH<sup>B</sup>*, *GH<sup>AA</sup>* и *GH<sup>AB</sup>*, выразилось в менее высокой частоте встречаемости аллеля *GH<sup>A</sup>*, генотипа *GH<sup>AA</sup>*, составившей 0,8 и 80 % соответственно. В исследуемой выборке при изучении полиморфизма локуса гена *GDF9* было определено, что частота встречаемости аллеля *GDF9<sup>G</sup>* в 1,7 раза выше по сравнению с частотой встречаемости аллеля *GDF9<sup>A</sup>* (0,37). В результате проведенных исследований установлен полиморфизм генов с разной частотой встречаемости. Анализ структуры исследуемых генов выявил селекционно значимые генотипы для целенаправленного отбора. В выборке изученного помесного скота второго поколения селекционно значимыми генотипами являются *CAST<sup>NN</sup>*, *GH<sup>BB</sup>*, *GDF9<sup>AA</sup>*.

**Ключевые слова:** генотипирование, помесные бараны, аллельный спектр генов, повышение племенных качеств, полиморфизм, генетическая структура

**Для цитирования:** Оздемиров, А. А. Влияние генов на рост и развитие исследуемого поголовья помесных овец / А. А. Оздемиров, А. А. Хожоков // Весці Нацыянальнай акадэміі навук Беларусі. Серыя аграрных навук. – 2025. – Т. 63, № 2. – С. 145–153. <https://doi.org/10.29235/1817-7204-2025-62-1-145-153>

**Alimsoltan A. Ozdemirov, Abdusalam A. Khozhokov**

*Federal Agrarian Scientific Center of the Republic of Dagestan, Makhachkala, Russian Federation*

**INFLUENCE OF GENES ON GROWTH AND DEVELOPMENT OF THE STUDIED POPULATION  
OF CROSS-BREED SHEEP**

**Abstract.** The research object are the genes: *CAST* (specific inhibitor of calpain), *GH* (growth hormone gene) and *GDF9* (expressed in oocytes and necessary for ovarian folliculogenesis). The research subject is the genetic structure of second-generation crossbreeds of small ruminants. The aim of the research is to study genetic polymorphism in crossbreeds of small ruminants. The scientific novelty consisted in the study of allelic variants of genes through genotyping of crossbred rams of the F2 generation in the conditions of the Republic of Dagestan. The following has been used for the research: gel electrophoresis method; PCR-RFLP method – for the purpose of genotyping the studied sample by the *GH*, *GDF9* and *CAST* genes. Genetic and statistical analysis was carried out using a standard set of formulas. Polymorphism of the *CAST* gene was represented by the *M* allele with a high (0.9) and the *N* allele with a low (0.1) frequency occurrence. Homozygous genotypes *CAST<sup>MM</sup>* and *CAST<sup>NN</sup>*, as well as heterozygous *CAST<sup>MN</sup>* were distributed

in the following ratio: 86.6; 6.7; 6.7 % respectively. The peculiarity of the allelic spectrum of the *GH* gene, represented by two alleles and two genotypes –  $GH^A$  and  $GH^B$ ,  $GH^{AA}$  and  $GH^{AB}$ , was expressed in a lower frequency of occurrence of the  $GH^A$  allele of  $GH^{AA}$  genotype, which amounted to 0.8 and 80 %, respectively. In the studied sample, when studying the polymorphism of the *GDF9* gene locus, it has been determined that the frequency of occurrence of  $GDF9^G$  allele was 1.7 times higher than the frequency of occurrence of  $GDF9^A$  allele (0.37). As a result of the research, polymorphism of genes with different frequencies of occurrence was established. Analysis of the structure of the studied genes revealed significant genotypes in terms of breeding for targeted selection. In the sample of the studied second-generation crossbred cattle, the significant genotypes in terms of breeding are  $CAST^{NN}$ ,  $GH^{BB}$ ,  $GDF9^{AA}$ .

**Keywords:** biotechnology, genotyping, crossbred rams, allelic spectrum of genes, increasing breeding qualities, polymorphism, genetic structure

**For citation:** Ozdemirov A. A., Khozhokov A. A. Influence of genes on growth and development of the studied population of cross-breed sheep // *Vesti Natsyonal'nai akademii navuk Belarusi. Seryya agrarnykh navuk* = *Proceedings of the National Academy of Sciences of Belarus. Agrarian series*, 2025, vol. 63, no. 2, pp. 51–XX (in Russian). <https://doi.org/10.29235/1817-7204-2025-63-2-51-59>

**Введение.** В сфере животноводства особое значение приобретают исследования на уровне ДНК, необходимые для понимания происхождения пород, изучения их генетического многообразия и выявления уникальных особенностей различных популяций. Благодаря сочетанию традиционных и молекулярных методов селекции, включая использование генетических маркеров, ученым удастся успешно анализировать генетический резерв и существенно улучшать эффективность в сфере животноводства. Такой подход является ключевым для защиты генетических ресурсов, создания новых и улучшения существующих пород домашних животных, а также для ускорения селекционной работы [1]. Исследования различных пород показывают неоднозначные результаты связи генетических вариантов, что может быть обусловлено сложным наследованием признаков. Продолжение подобных исследований поможет накопить данные о генах и использовать их для контроля генетического разнообразия и прогнозирования продуктивности [2].

С помощью генетических технологий возможно выявлять высокопродуктивных животных и их способность передавать эти качества потомству. Во многих странах генотипирование стало ключевым в селекционной работе. Однако в животноводстве использование ограниченного числа производителей и интенсивная селекция могут уменьшить генетическое разнообразие, что уже привело к утрате уникальных местных пород. Это также ведет к сокращению продолжительности жизни животных и увеличению случаев болезней. Важно сохранять генетическое разнообразие для адаптации животных к изменениям окружающей среды. Существуют разные подходы мониторинга генетического разнообразия, включая анализ микросателлитов, SNP и полных геномов, но не все они одинаково эффективны и доступны из-за стоимости и точности.

Важнейшим условием поддержания хозяйственной ценности популяций является изучение их генетической структуры [3]. Выявление ассоциаций вариантов генов с параметрами мясной продуктивности возможно при активном участии этих генов в формировании признаков мясошерстной продуктивности с последующим формированием тест-систем, необходимых в геномной селекции [4]. Дагестанская горная порода овец, так же как и ряд других районированных пород крупного и мелкого рогатого скота, в этом отношении изучена недостаточно [5–7].

Совершенствование хозяйственно полезных качеств у крупного и мелкого рогатого скота, создание генофонда позволит получать мясо улучшенного качества. Одной из наиболее ценных особенностей дагестанской горной породы овец является повышенный потенциал приспособляемости к суровым природно-климатическим и кормовым условиям, что определяет их высокую хозяйственную ценность. Использование геномной оценки в разведении крупного рогатого скота и овец значительно ускорит селекционный прогресс и улучшит эффективность отрасли.

Один производитель может дать тысячи потомков, оказывая значительное влияние на генетические особенности стада. Ген соматотропина (*GH*) играет ключевую роль в росте и развитии животных, а также влияет на производство молока и расщепление жиров. Его

полиморфизмы связаны с экономически ценными характеристиками, что делает его предметом особого внимания в селекции. В результате исследований, проведенных в последние годы [8], выявлено, что ключевой ген, отвечающий за продуцирование гормона роста у крупного рогатого скота, расположен на 19-й хромосоме. Структура этого гена включает пять экзонов и четыре интрона. Соматотропин, вырабатываемый этим геном, является центральным элементом в регулировании роста и развития у млекопитающих. Этот белок, однотипный для всех млекопитающих, представляет собой сложный пептид.

Гормон роста (*GH*), который принадлежит к группе производителей со схожими структурами, играет ключевую роль в стимуляции и поддержании процесса лактации у млекопитающих. Этот гормон характеризуется наличием от 190 до 199 аминокислот в цепочке, что подтверждается в исследованиях различных видов.

Было установлено, что изменения в гене, отвечающем за выработку соматотропина, коррелируют с повышенным содержанием жира [2]. Кроме того, отмечается рост уровня белка. Также выявлено, что в пятом экзоне гена происходит перестановка нуклеотидов с цитозина на гуанин. Это приводит к смене аминокислоты в белке: лейцин заменяется на валин на 127-й позиции. Некоторые исследователи зарегистрировали определенные генетические вариации, связанные с полезными сельскохозяйственными характеристиками у крупного рогатого скота, такими как рост, развитие и молочная продуктивность. Была отмечена важность полиморфизма гена *GH* в контексте этих признаков. В научной литературе упоминаются разные мутации этого гена, которые имеют значение для гормона роста. Исследования показали, что определенный генетический маркер – аллель *Mspl* (–) гена, отвечающего за производство соматотропина, оказывает значительное воздействие на содержание жира и белка в молоке у коров разных пород. Наличие этого аллеля у животных коррелирует с повышенной молочной продуктивностью и уменьшением количества соматических клеток в молоке, что является показателем его качества. Также было отмечено, что определенная мутация в генетике коров голштинской породы не ведет к изменениям в количестве жира в молоке. Однако выявлена корреляция между наличием аллеля *Mspl* (–) и повышенным уровнем белка в молоке, достигающим 3,1 %. Особенно высокий процент белка наблюдается у животных, у которых обе копии гена несут этот аллель. При этом объем производства молока и его жирность не показали заметной зависимости от генотипа *Mspl*. Проведенные исследования показали, что определенный генетический вариант (аллель *Mspl* (–)) в третьем интроне гена, отвечающий за производство соматотропного гормона, может служить индикатором высокого содержания белка в молоке [9]. В дополнение к этому была выявлена связь между различными формами этого же гена и качественными характеристиками мяса, что может быть полезно для селекционной работы в сфере животноводства.

Разнообразие полиморфных маркеров (SNP) позволяет классифицировать их по степени информативности. SNP, как наиболее часто встречающийся тип, играют важную роль в этой классификации, обеспечивая точечную характеристику генетических различий. В области селекционной работы животных использование генетических маркеров становится новым этапом развития. Ряд исследователей подчеркивают значимость этих технологий [10]. Отход от традиционных методов и фокусирование на генотипических особенностях скота несут существенные преимущества, при этом игнорируется изменчивость экономических и других внешних факторов. Продолжительное и эффективное использование сельскохозяйственных животных в хозяйствах – ключевой аспект, влияющий на доходность молочной отрасли. Это напрямую связано с жизненной продуктивностью животных, объемом и качеством потомства, которое они приносят. В результате это ведет к усовершенствованию стад, рас и популяций в целом.

Экономическая целесообразность в молочной отрасли тесно связана с продолжительностью эксплуатации поголовья. Приоритет отдается животным с увеличенным периодом продуктивности, что напрямую сказывается на уровне продуктивной отдачи и общей рентабельности фермерских хозяйств.

Анализ различных литературных источников подтверждает целесообразность более широкого использования ДНК-маркеров [11].

**Методология и методы исследования.** Пробы крови, взятые у помесей F2 маточного поголовья и баранов-производителей, были использованы для выделения ДНК при проведении генетических исследований.

Метод полимеразной цепной реакции (ПЦР) применялся при генотипировании помесей (F2) баранов-производителей. ПЦР осуществлялась с использованием специфических праймеров (табл. 1).

Таблица 1. Характеристика аллельных вариантов

Table 1. Characteristics of allelic variants

Нуклеотидные последовательности	Т отжига, °C	Генотипы	Амплификат, п. н.	Рестриктаза / замена нуклеотида
<i>CAST</i>				
F: 5'-tggggcccaatgacgccatgatg-3' R: 5'-ggtggagcacttctgatcacc-3'	62	MM/MN/NN	422	<i>MspI</i>
<i>GH</i>				
F: 5'-ggaggcaggaagggatgaa-3' R: 5'-ccaaggaggaggagagacaga-3'	60	AA/AB/BB	277	<i>HaeIII</i>
<i>GDF9</i>				
F: 5'-gaagactggtatggggaatg-3' R: 5'-ccaatctgctcctacacacct-3'	63	AA/AG/GG	462	<i>BstHII</i>

Термоциклер «Терцик» был использован для генотипирования генов, ассоциированных с такими показателями, как рост и развитие (*GH*, *GDF9*, *CAST*).

**Место и объект проведения исследований.** Проведение опытов с выборкой помесей для изучения селекционно значимых аллелей генов *GH*, *GDF9*, *CAST*, ассоциируемых с такими хозяйственно полезными показателями, как рост и развитие, были проведены в сельскохозяйственном кооперативе «Агрофирма «Сограбль».

С целью выполнения вышеуказанных задач была отобрана опытная группа помесей (F2) баранов-производителей ( $n = 13$ ). Генотипирование помесных (F2) баранов-производителей проводилось методом ПЦР в отношении генов *GDF9*, *CAST*, *GH*.

Выделение ДНК осуществлялось из проб крови опытного поголовья при помощи набора реагентов Diatom<sup>tm</sup> DNA Prep. Проведение ПЦР выполнялось наборами Gene Pak PCR Core.

Число и длина фрагментов рестрикции в агарозном геле (2–4 %) при ультрафиолетовом свете были определены методом гель-электрофореза. При этом использовался стандартный набор М 50 (Gene Pak DNA Markers), являвшийся маркером молекулярных масс [6].

Определение частоты встречаемости генотипов проводилось по формуле

$$p = \frac{n}{N},$$

где  $p$  – частота того или иного генотипа;  $n$  – количество особей с определенным генотипом;  $N$  – общее количество особей.

Частоту встречаемости аллелей подсчитывали следующим образом:

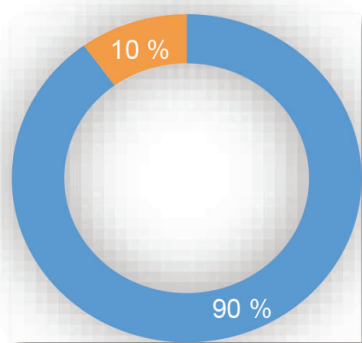
$$P(A) = \frac{2N_1 + N_2}{2n},$$

где  $P(A)$  – частота встречаемости аллели;  $N_1$  – число гомозигот по изучаемому аллелю;  $N_2$  – число гетерозигот по изучаемому аллелю;  $n$  – объем выборки.

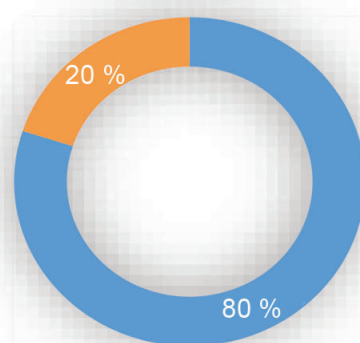
При помощи стандартного набора формул осуществлялся генетико-статистический анализ.

Таблица 2. Полиморфизм помесных баранов производителей (♂) II поколения в генах *CAST*, *GH*, *GDF9*Table 2. Polymorphism of crossbred rams (♂) of generation II in *CAST*, *GH* and *GDF9* genes

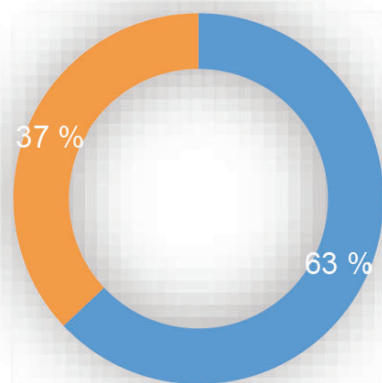
<i>CAST</i>			<i>GH</i>			<i>GDF9</i>		
<i>MM</i>	<i>MN</i>	<i>NN</i>	<i>AA</i>	<i>AB</i>	<i>BB</i>	<i>AA</i>	<i>AG</i>	<i>GG</i>
–	–	<i>NN</i>	–	<i>AB</i>	–	–	<i>AG</i>	–
–	<i>MN</i>	–	<i>AA</i>	–	–	–	<i>AG</i>	–
<i>MM</i>	–	–	<i>AA</i>	–	–	–	–	<i>GG</i>
<i>MM</i>	–	–	<i>AA</i>	–	–	<i>AA</i>	–	–
<i>MM</i>	–	–	<i>AA</i>	–	–	–	–	<i>GG</i>
<i>MM</i>	–	–	<i>AA</i>	–	–	<i>AA</i>	–	–
<i>MM</i>	–	–	<i>AA</i>	–	–	–	–	<i>GG</i>
<i>MM</i>	–	–	<i>AA</i>	–	–	<i>AA</i>	–	–
<i>MM</i>	–	–	<i>AA</i>	–	–	–	<i>AG</i>	–
<i>MM</i>	–	–	<i>AA</i>	–	–	–	–	<i>GG</i>
<i>MM</i>	–	–	–	<i>AB</i>	–	–	–	<i>GG</i>
<i>MM</i>	–	–	<i>AA</i>	–	–	–	–	<i>GG</i>
<i>MM</i>	–	–	<i>AA</i>	–	–	–	–	<i>GG</i>
<i>MM</i>	–	–	<i>AA</i>	–	–	<i>AA</i>	–	–
<i>MM</i>	–	–	–	<i>AB</i>	–	–	–	<i>GG</i>



■ M ■ N



■ A ■ B

Рис. 1. Распределение аллелей гена *CAST* у помесей F2Fig. 1. Distribution of *CAST* gene alleles in F2 crossesРис. 2. Распределение аллелей гена *GH* у помесей F2Fig. 2. Distribution of *GH* gene alleles in F2 crosses

■ G ■ A

Рис. 3. Распределение аллелей гена *GDF9* у помесей F2Fig. 3. Distribution of *GDF9* gene alleles in F2 crosses



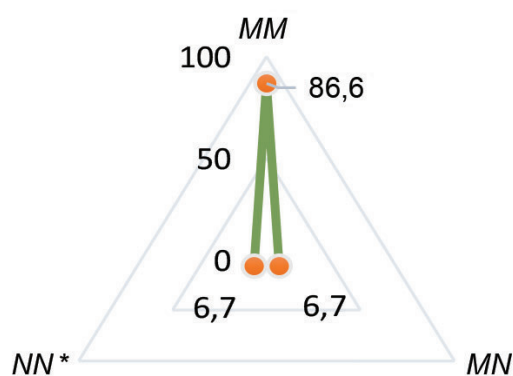


Рис. 4. Распределение генотипов гена *CAST* у помесей F2

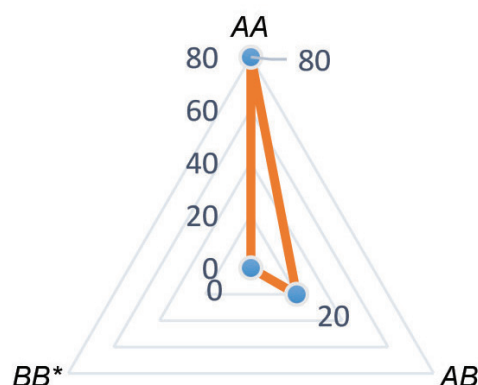


Рис. 5. Распределение генотипов гена *GH* у помесей F2

Fig. 4. Distribution of *CAST* gene genotypes in F2 crosses Fig. 5. Distribution of *GH* gene genotypes in F2 crosses

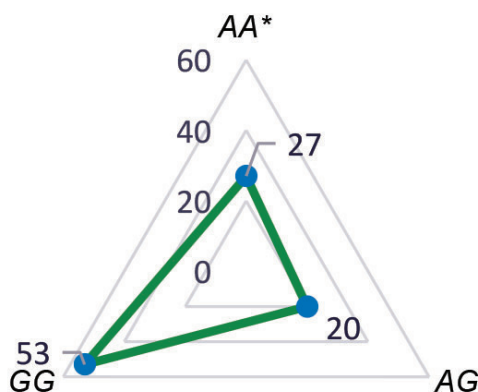


Рис. 6. Распределение генотипов гена *GDF9* у помесей F2

Fig. 6. Distribution of *GDF9* gene genotypes in F2 crosses

**Результаты исследований и их обсуждение.** Результаты проведенных исследований по изучению полиморфизма помесей F2 баранов-производителей приведены в табл. 2.

При анализе результатов генотипирования исследуемого помесного поголовья II поколения можно наблюдать участие по паре аллелей в исследуемых генах: *CAST* аллели  $CAST^M$  и  $CAST^N$  (рис. 1); *GH* – аллели  $GH^A$  и  $GH^B$  (рис. 2); *GDF9* – аллели  $GDF9^A$  и  $GDF9^G$  (рис. 3) с разной частотой встречаемости.

Полиморфизм гена *CAST* представлен аллелью *M* с высокой (0,9) и аллелью *N* с низкой (0,1) частотой встречаемости. Гомозиготные генотипы  $CAST^{MM}$  и  $CAST^{NN}$ , а также гетерозиготный  $CAST^{MN}$  распределились в следующем соотношении: 86,6; 6,7; 6,7 % соответственно (рис. 4). (На рис. 4, 5, 6  $NN^*$ ,  $BB^*$ ,  $AA^*$  – селекционно значимые генотипы.)

Своеобразие аллельного спектра гена *GH*, представленного двумя аллелями и двумя генотипами –  $GH^A$  и  $GH^B$ ,  $GH^{AA}$  и  $GH^{AB}$  (рис. 5), выразилось в менее высокой частоте встречаемости аллеля  $GH^A$ , генотипа  $GH^{AA}$  (0,8 и 80 % соответственно).

В исследуемой выборке при изучении полиморфизма локуса гена *GDF9/BstHHI* было определено, что частота встречаемости аллеля  $GDF9^G$  в 1,7 раза выше по сравнению с частотой встречаемости аллеля  $GDF9^A$  (0,37).

Выявленная закономерность стала основой присутствия высокой (53 %) частоты встречаемости гомозиготного генотипа  $GDF9^{GG}$  (рис. 6) и низкой частоты встречаемости гетерозиготного генотипа  $GDF9^{AG}$  (20 %), частота встречаемости монозиготного генотипа  $GDF9^{AA}$  составила 27,0 %. Наряду с этим, была изучена генетическая структура помесей F2 (табл. 3).

Таблица 3. Генетическая структура помесей II поколения (♂)

Table 3. Genetic structure of crossbreeds of generation II (♂)

Показатель	Гетерозиготы (n)	Гомозиготы (n)	Hobs*	Hex**	$\chi^2$	Ca, %	Na	V, %	ТГ
<i>GDF9</i>	3	12	0,25	0,87	4,81	53,4	1,87	46,6	–0,62 $\Phi < T$
	3	12	0,25	0,87	4,81	53,4	1,87	46,6	–0,62 $\Phi < T$
<i>CAST</i>	1	14	0,07	0,22	7,73	82	1,22	18	–0,13 $\Phi < T$
	1	14	0,07	0,22	7,73	82	1,22	18	–0,13 $\Phi < T$
<i>GH</i>	3	12	0,25	0,22	0,18	82	1,22	18	0,03 $\Phi > T$
	3	12	0,25	0,22	0,18	82	1,22	18	0,03 $\Phi > T$

\* Наблюдаемая гетерозиготность; \*\* ожидаемая гетерозиготность.

\* Observed heterozygosity; \*\* expected heterozygosity.

Проведенные расчеты по структуре исследуемых генов показали, что гомо- и гетерозиготность по гену *GDF9* у баранов-производителей распределилась в процентном отношении как 20,0 и 80,0 %. Ген *CAST* имел следующие значения: 6,7 % гетерозигот и 93,3 % гомозигот. У гена *GH* эти показатели варьировали в пределах 20,0 и 80,0 % соответственно.

Показатель наблюдаемой гетерозиготности у баранов-производителей сохранил идентичность по генам *GH* и *GDF9* и составил 0,25, что превышает этот показатель в отношении гена *CAST* на 72 %.

Расчет ожидаемой гетерозиготности у баранов-производителей показал идентичные значения по генам *GH* и *CAST* – 0,22 и значительно большее значение (на 74,7 %) по гену *GDF9*.

При анализе значения показателя – коэффициента парной корреляции ( $\chi^2$ ), необходимого для наглядности селективного различия в отношении исследуемых генотипов, приходим к выводу, что генетическая корреляция в отношении гена *GH* была положительной (0,22).

В отношении степени гомозиготности значения коэффициента *Ca* выглядели следующим образом: у гена *GDF9* – 53,4, причем у генов *CAST* и *GH* данный коэффициент был практически схожим (82 %).

Показатель степени генетической изменчивости в популяции баранов-производителей – V-коэффициент – был наиболее высоким у гена *GDF9* – 46 %. Гены *CAST* и *GH* имели одинаковые значения степени генетической изменчивости – 18 %.

Отрицательное значение теста гетерозиготности (ТГ) у баранов-производителей в генах *GDF9* и *CAST* (–0,62 и –0,13 соответственно) свидетельствует о недостатке гетерозигот. У гена *GH* этот показатель был положительным и составил 0,03.

**Выводы.** 1. Исследования показали, что в изученной выборке животных генетический состав по генам *CAST* и *GDF9* уравновешен, что указывает на малую вероятность его изменений под воздействием внешних факторов. Даже активный и долгосрочный процесс отбора не ведет к сдвигу в распределении аллельных частот. Благодаря этому в породах сохраняется определенный уровень гетерозиготности, что способствует поддержанию генетической изменчивости. Таким образом, даже выраженная направленность на разведение мясных пород со специфическими характеристиками, включая те, что разводят в Дагестане, не влечет за собой значительного сокращения генетического многообразия в пределах популяции и не уменьшает их адаптационных возможностей, по крайней мере в контексте изученных генов *CAST* и *GDF9*.

2. Проведенный анализ по результатам генотипирования в исследуемом помесном поголовье баранов-производителей свидетельствует о наличии полиморфизма в изучаемых генах, контролирующих рост и развитие, который представлен двумя аллелями каждого из изученных генов: *GDF9* – аллелями *GDF9<sup>A</sup>* и *GDF9<sup>G</sup>*; *CAST* – аллелями *CAST<sup>M</sup>* и *CAST<sup>N</sup>*; *GH* – аллелями *GH<sup>A</sup>* и *GH<sup>B</sup>* с разной частотой встречаемости. Анализ структуры исследуемых генов выявил селекционно значимые генотипы для целенаправленного отбора. В выборке изу-

ченного помесного скота второго поколения такими генотипами являются  $CAST^{NN}$ ,  $GH^{BB}$ ,  $GDF9^{AA}$ . При анализе коэффициента парной корреляции ( $\chi^2$ ), необходимого для наглядности селективного различия в отношении исследуемых генотипов, выявлено, что генетическая корреляция в отношении гена  $GH$  была положительной (0,22). Отрицательное значение теста гетерозиготности у баранов-производителей в генах  $GDF9$  и  $CAST$  (–0,62 и –0,13 соответственно) свидетельствует о генном равновесии в популяции. У гена  $GH$  этот показатель был положительным и составил 0,03.

3. Проведенные исследования по генотипированию генов  $GDF9$ ,  $CAST$  и  $GH$  у баранов-производителей поколения F2 дают основания сделать вывод о целесообразности дальнейшей работы по созданию нового типа, получаемого в результате скрещивания овец дагестанской горной породы.

### Список использованных источников

1. Изучение генетического разнообразия и популяционной структуры российских пород крупного рогатого скота с использованием полигеномного анализа SNP / Н. А. Зиновьева, А. В. Доцев, А. А. Сермягин [и др.] // Сельскохозяйственная биология. – 2016. – Т. 51, № 6. – С. 788–800. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2016.6.788rus>
2. Генетическая структура казахской белоголовой породы крупного рогатого скота по генам молочных белков и гормонов и их связь с энергией роста молодняка / Г. М. Гончаренко, Н. Б. Гришина, Т. С. Хорошилова [и др.] // Достижения науки и техники АПК. – 2020. – Т. 34, № 5. – С. 61–64. <https://doi.org/10.24411/0235-2451-2020-10512>
3. Харламов, А. В. Повышение эффективности геномной селекции молочного скота / А. В. Харламов, В. А. Панин, В. И. Косилов // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. – 2019. – № 3 (77). – С. 256–259.
4. Eusebi, P. G. Genomic tools for effective conservation of livestock breed diversity / P. G. Eusebi, A. Martinez, O. Cortes // Diversity. – 2020. – Vol. 12, № 1. – Art. 8. <https://doi.org/10.3390/d12010008>
5. Районированная порода овец Дагестана / А. А. Оздемиров, Р. А. Акаева, П. О. Алиева [и др.] // Вестник Российской сельскохозяйственной науки. – 2021. – № 4. – С. 67–69. <https://doi.org/10.30850/vrsn/2021/4/67-69>
6. Полиморфизм генов  $CAST$ ,  $GH$ ,  $GDF9$  овец Дагестанской горной породы / А. А. Оздемиров, Л. Н. Чижова, А. А. Хожоков [и др.] // Юг России: экология, развитие. – 2021. – Т. 16, № 2 (59). – С. 39–44. <https://doi.org/10.18470/1992-1098-2021-2-39-44>
7. Investigation of the genetic diversity of Dagestan mountain cattle using STR-markers / V. V. Volkova, A. S. Abdelmanova, T. E. Deniskova [et al.] // Diversity. – 2022. – Vol. 14, № 7. – Art. 569. <https://doi.org/10.3390/d14070569>
8. Влияние полиморфизма гена лептина (LEP) на молочную и мясную продуктивность коров-первотелок голштинской породы / Э. Р. Гайнутдинова, Н. Ю. Сафина, Ш. К. Шакиров, М. И. Варламова // Ученые записки Казанской государственной академии ветеринарной медицины им. Н. Э. Баумана. – 2021. – Т. 245, № 1. – С. 24–28. <https://doi.org/10.31588/2413-4201-1883-245-1-24-28>
9. Interior circular RNA / X. Liu, Z. Hu, J. Zhou [et al.] // RNA Biology. – 2020. – Vol. 17, № 1. – P. 87–97. <https://doi.org/10.1080/15476286.2019.1669391>
10. Genetic diversity of historical and modern populations of Russian cattle breeds revealed by microsatellite analysis / A. S. Abdelmanova, V. R. Kharzinova, V. V. Volkova [et al.] // Genes. – 2020. – Vol. 11, № 8. – Art. 940. <https://doi.org/10.3390/genes11080940>
11. Cortes, O. Applications of microsatellites and single nucleotide polymorphisms for the genetic characterization of cattle and small ruminants: an overview / O. Cortes, J. Cañon, L. T. Gama // Ruminants. – 2022. – Vol. 2, № 4. – P. 456–470. <https://doi.org/10.3390/ruminants2040032>

### References

1. Zinovieva N. A., Dotsev A. V., Sermyagin A. A., Wimmers K., Reyer H., Sölkner J., Deniskova T. E., Brem G. Study of genetic diversity and population structure of five Russian cattle breeds using whole-genome SNP analysis. *Sel'skokhozyaystvennaya biologiya = Agricultural Biology*, 2016, vol. 51, no. 6, pp. 788–800 (in Russian). <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2016.6.788rus>
2. Goncharenko G. M., Grishina N. B., Khoroshilova T. S., Kochnev N. N., Unzhakova A. A. Genetic structure of Kazakh white-headed cattle by the genes of milk proteins and hormones and their relationship with the growing energy of young animals. *Dostizheniya nauki i tekhniki APK = Achievements of Science and Technology of AIC*, 2020, vol. 34, no. 5, pp. 61–64 (in Russian). <https://doi.org/10.24411/0235-2451-2020-10512>



3. Kharlamov A. V., Panin V. A., Kosilov V. V. Improving the effectiveness of genomic breeding of dairy cattle. *Izvestiya Orenburgskogo gosudarstvennogo agrarnogo universiteta = Izvestia Orenburg State Agrarian University*, 2019, no. 3 (77), pp. 256–259 (in Russian).
4. Eusebi P. G., Martinez A., Cortes O. Genomic tools for effective conservation of livestock breed diversity. *Diversity*, 2020, vol. 12, no. 1, art. 8. <https://doi.org/10.3390/d12010008>
5. Ozdemirov A. A., Akaeva R. A., Alieva P. O., Alieva E. M., Gamzatova S. K., Guseynova Z. M., Daveteeva M. A. An area-specific breed of sheeps of Dagestan. *Vestnik Rossiiskoi sel'skokhozyaistvennoi nauki = Vestnik of the Russian Agricultural Science*, 2021, no. 4, pp. 67–69 (in Russian). <https://doi.org/10.30850/vrsn/2021/4/67-69>
6. Ozdemirov A. A., Chizhova L. N., Khozhokov A. A., Surzhikova E. S., Dogeev G. D., Abdulmagomedov S. Sh. Polymorphism of genes *CAST*, *GH*, *GDF9* of sheep of the Dagestan mountain breed. *Yug Rossii: ekologiya, razvitie = South of Russia: Ecology, Development*, 2021, vol. 16, no. 2 (59), pp. 39–44 (in Russian). <https://doi.org/10.18470/1992-1098-2021-2-39-44>
7. Volkova V. V., Abdelmanova A. S., Deniskova T. E., Romanenkova O. S., Khozhokov A. A., Ozdemirov A. A., Sermiyagin A. A., Zinovieva N. A. Investigation of the genetic diversity of Dagestan mountain cattle using STR-markers. *Diversity*, 2022, vol. 14, no. 7, art. 569. <https://doi.org/10.3390/d14070569>
8. Gaynutdinova E. R., Safina N. Yu., Shakirov Sh. K., Varlamova M. I. Influence of leptin (LEP) gene polymorphism on dairy and meat productivity of Holstein heifers. *Uchenye zapiski Kazanskoi gosudarstvennoi akademii veterinarnoi meditsiny im. N. E. Baumana = Scientific notes Kazan Bauman State Academy of Veterinary Medicine*, 2021, vol. 245, no. 1, pp. 24–28 (in Russian). <https://doi.org/10.31588/2413-4201-1883-245-1-24-28>
9. Liu X., Hu Z., Zhou J., Tian C., Tian G., He M., Gao L., Chen L., Li T., Peng H., Zhang W. Interior circular RNA. *RNA Biology*, 2020, vol. 17, no. 1, pp. 87–97. <https://doi.org/10.1080/15476286.2019.1669391>
10. Abdelmanova A. S., Kharzinova V. R., Volkova V. V., Mishina A. I., Dotsev A. V., Sermiyagin A. A., Boronetskaya O. I., Petrikeeva L. V., Chinarov R. Yu., Brem G., Zinovieva N. A. Genetic diversity of historical and modern populations of Russian cattle breeds revealed by microsatellite analysis. *Genes*, 2020, vol. 11, no. 8, art. 940. <https://doi.org/10.3390/genes11080940>
11. Cortes O., Cañon J., Gama L. T. Applications of microsatellites and single nucleotide polymorphisms for the genetic characterization of cattle and small ruminants: an overview. *Ruminants*, 2022, vol. 2, no. 4, pp. 456–470. <https://doi.org/10.3390/ruminants2040032>

### Информация об авторах

Алимсолтан Ахмедович Оздемиров – кандидат биологических наук, заведующий лабораторией геномных исследований, селекции и племенного дела, Федеральный аграрный научный центр Республики Дагестан (ул. Абдуразака Шахбанова, 30, 367014, Республика Дагестан, Махачкала, Российская Федерация). [orcid.org/0000-0003-2150-2192](https://orcid.org/0000-0003-2150-2192). AuthorID: 676288. E-mail: [alim72@mail.ru](mailto:alim72@mail.ru)

Абдусалам Асадулаевич Хожоков – кандидат сельскохозяйственных наук, заведующий отделом животноводства, Федеральный аграрный научный центр Республики Дагестан (ул. Абдуразака Шахбанова, 30, 367014, Республика Дагестан, Махачкала, Российская Федерация). [orcid.org/0000-0002-7303-0222](https://orcid.org/0000-0002-7303-0222). AuthorID: 467112. E-mail: [niva1956@mail.ru](mailto:niva1956@mail.ru)

### Information about the authors

Alimsoltan A. Ozdemirov – Ph. D. (Biology), Head of the Laboratory of Genomic Research, Selection and Breeding, Federal Agrarian Scientific Center of the Republic of Dagestan (30, Abdurazakh Shakhabanov St., 367014, Republic of Dagestan, Makhachkala, Russian Federation). [orcid.org/0000-0003-2150-2192](https://orcid.org/0000-0003-2150-2192). AuthorID: 676288. E-mail: [alim72@mail.ru](mailto:alim72@mail.ru)

Abdusalam A. Khozhokov – Ph. D. (Agriculture), Head of the Animal Husbandry Department, Federal Agrarian Scientific Center, Republic of Dagestan (30, Abdurazakh Shakhabanov St., 367014, Republic of Dagestan, Makhachkala, Russian Federation). [orcid.org/0000-0002-7303-0222](https://orcid.org/0000-0002-7303-0222). AuthorID: 467112. E-mail: [niva1956@mail.ru](mailto:niva1956@mail.ru)