

Научная статья
 УДК 636.082.11:636.22/28.082.13
 doi:10.35694/YARCX.2025.71.3.015

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА ПОПУЛЯЦИИ КАЗАХСКОЙ БЕЛОГОЛОВОЙ ПОРОДЫ НА ЮЖНОМ УРАЛЕ ПО ПОЛИМОРФИЗМАМ ГЕНОВ ГОРМОНА РОСТА И ЛЕПТИНА

Альбек Комарович Сангаков

Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий
 Российской академии наук, Оренбург, Россия
 sangakovak@mail.ru, ORCID 0009-0005-9843-4572

Реферат. Структура генофонда популяции сельскохозяйственных животных по генам, ассоциируемым с хозяйственно полезными признаками, изменчива под влиянием селекционных процессов. Целью данного исследования являлось изучение генетической структуры популяции казахской белоголовой породы на Южном Урале по полиморфизмам генов гормона роста и лептина. Объект исследования – ремонтные бычки казахской белоголовой породы скота из племярепродуктора ООО «Омеко-труд» Оренбургской области, которых разделили на две группы в зависимости от сезона рождения (осень и весна). Молодняк генотипировали по полиморфизмам *GH L127V* и *LEP A80V* методом ПЦР-ПДРФ. В двух последовательных поколениях бычков (весеннего и осеннего сезона рождения) присутствуют аллели L и V в локусе гена гормона роста, а также A и V – в локусе гена лептина. Различия по частоте встречаемости аллелей и генотипов изучаемых полиморфизмов, в зависимости от сезона отёла, обуславливаются влиянием организации воспроизводства стада и племенного подбора родительских пар на структуру генофонда популяции. В среднем по всем бычкам доля носителей гомозиготных генотипов различалась на 19,6% в пользу LL-варианта гена *GH*. Гетерозиготный генотип встречался у трети (34,2%) поголовья. Доля доминирующего *LEP^{AA}* генотипа превосходила количество особей других вариантов гена лептина на 27,4–39,4%. Наличие в популяции 30,3% носителей V-аллели позволяет организовать целенаправленную селекционно-племенную работу с учётом полиморфизма гена *LEP*. Общим для исследуемых выборок и изучаемых нуклеотидных замен являлось превышение ожидаемой гетерозиготности над наблюдаемой, свидетельствующее о снижении уровня генетического разнообразия вследствие неслучайного скрещивания и давления искусственного отбора, а также о повышении инбредности популяции. Относительно высокое число эффективных аллелей ($N_e = 1,730–1,976$) создаёт предпосылки для внедрения маркер-ориентированной селекции, направленной на повышение мясной продуктивности казахского белоголового скота.

Ключевые слова: казахская белоголовая порода, генетическая структура, генотип, аллель, частота, ген гормона роста, ген лептина, полиморфизм

GENETIC STRUCTURE OF THE KAZAKH WHITE-HEADED POPULATION IN THE SOUTHERN URALS BY POLYMORPHISMS OF GROWTH HORMONE AND LEPTIN GENES

Al'bek K. Sangakov

Federal Research Centre of Biological Systems and Agro-technologies
 of the Russian Academy of Sciences, Orenburg, Russia
 sangakovak@mail.ru, ORCID 0009-0005-9843-4572

Abstract. The gene pool structure of the population of farm animals by genes associated with economical traits is variable under the influence of breeding processes. The purpose of this research was to study the genetic structure of the population of the Kazakh White-Headed breed in the Southern Urals by polymorphisms of the growth hormone and leptin genes. The subject for the research was replacement bulls of the Kazakh White-Headed cattle breed from the breeding farm OOO Omeko-Trud in the Orenburg region, which were divided into two groups depending on the season of birth (autumn and spring). The young animals were genotyped by *GH L127V* and *LEP A80V* polymorphisms using PCR-RFLP method. In two consecutive generations of bulls (spring and autumn season of birth), alleles L and V are present at the growth hormone gene locus, as well as A and V at the leptin gene locus. Differences in the frequency of alleles and genotypes of the polymorphisms under study depending on the calving season, are due to the influence of the organization of herd

reproduction and stud breeding of breeding pairs on the structure of the population gene pool. On average, in all bulls, the proportion of carriers of homozygous genotypes differed by 19.6% in favor of the LL variant of the *GH* gene. The heterozygous genotype was found in a third (34.2%) of the livestock. The proportion of the dominant *LEP^{AA}* genotype exceeded the number of individuals with other leptin gene variants by 27.4–39.4%. The presence of 30.3% of V-allele carriers in the population makes it possible to organize targeted selection and breeding work, taking into account the polymorphism of the *LEP* gene. Common to the study samples and the nucleotide substitutions studied was an excess of the expected heterozygosity over the observed one, indicating a decrease in the level of genetic diversity due to non-random crossing and artificial selection pressure, as well as an increase in population inbreedness. A relatively high number of effective alleles ($N_e = 1.730–1.976$) creates the preconditions for the introduction of marker-assisted selection aimed at increasing the meat productivity of Kazakh White-Headed cattle.

Keywords: *Kazakh White-Headed breed, genetic structure, genotype, allele, frequency, growth hormone gene, leptin gene, polymorphism*

Финансирование: работа выполнена в соответствии с планом НИР на 2025–2027 гг. ФГБНУ ФНЦ БСТ РАН (№ FNWZ-2025-0008).

Введение. Генетическая структура любой популяции сельскохозяйственных животных изменчива под влиянием селекционных процессов [1–3]. Длительное время характеристика разнообразия пород, популяций и стад мясного скота базировалась, главным образом, на морфологических признаках, экстерьерно-конституциональных особенностях и продуктивных качествах. Однако дифференциация по фенотипу животных не даёт полной оценки внутривидовой изменчивости и зачастую ограничена тем, что выраженность отдельных признаков и внешнего вида в целом в значительной степени обусловлены факторами окружающей среды [4; 5]. Высокая перспектива открывается перед выявлением полиморфизмов ДНК, которые дополняют популяционную генетику новыми знаниями о динамике генофонда и выводят на новый уровень программы управления и сохранения генетических и породных ресурсов [6; 7].

Количественные признаки мясной продуктивности крупного рогатого скота характеризуются относительно высокой наследуемостью, свидетельствующей о значительном влиянии генетических факторов на их изменчивость. Нуклеотидные замены в гене гормона роста обуславливают вариативность динамики живой массы и линейных промеров, убойных показателей, морфологического состава туши у носителей разных генотипов [8–11]. Полиморфизмы гена лептина (*LEP*) ассоциированы с липидным обменом у животных и напрямую связаны с жировыми отложениями и репродуктивной способностью. Продукт этого гена, белок лептин, синтезируется жировыми клетками и воздействует на гипоталамус, регулируя аппетит и ощущение насыщения [12]. Таким образом, мониторинг генофонда популяции казахской белоголовой породы по генам *GH* и *LEP* и прогнозирование его динамики в процессе направленной селекционно-племенной работы в мясном скотоводстве имеет высокое экономическое значение [13].

Цель исследования – изучить генетическую структуру популяции казахской белоголовой породы на Южном Урале по полиморфизмам генов гормона роста и лептина.

Методология и методы. Объектом исследования являлось поголовье казахской белоголовой породы скота из племрепродуктора ООО «Омекотруд» Оренбургской области. Подопытных бычков подразделили на 2 группы в зависимости от сезона рождения. Молодняк I группы (бычки, $n = 60$ гол., рождения осень 2023 г.) и молодняк II группы (бычки, $n = 57$ гол., рождения весна 2024 г.) генотипировали по полиморфизмам *GH L127V* и *LEP A88V* генов гормона роста и лептина. Все группы молодняка с 8- до 15-месячного возраста содержались по технологии мясного скотоводства применительно к системам летнего пастбищного (I группа) и зимнего стойлового (II группа) содержания. До отъёма (возраст 7–8 месяцев) бычки находились на подсосе под матерями.

Выделение ДНК производилось из цельной крови с использованием набора реагентов для выделения геномной ДНК «М-сорб кровь» («Синтол», Россия). ПЦР-амплификацию проводили на термоциклере Biorad T100 (BioRad, Сингапур) в смеси объёмом 15 мкл, содержащей по 1,5 мкл смеси динитрофосфатов и 10х-буфера, по 0,03 мкл каждого праймера концентрацией 100 мМ и 1 е.а. Taq-полимеразы. Дизайн праймеров проводился с помощью онлайн-инструмента BLAST NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>). Подбор эндонуклеаз рестрикции осуществляли в программе NEBcutter v2.0. (<https://nc2.neb.com/NEBcutter2/>). Использовались ферменты *AluI* и *Eco91I* (ООО «СибЭнзайм», Россия). Исследования выполнялись на оборудовании лаборатории иммуногенетики и ДНК-технологий ВНИИОК – филиала ФГБНУ «Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр» (свидетельство ПЖ-77 № 008326 от 18.04.2018 г) и в ЦКП ФНЦ БСТ РАН (<http://цкп-бст.рф>).

Анализ данных проводили с использованием программы «Statistica 10» («Stat Soft Inc.», США) по алгоритмам непараметрической статистики. Соответствие наблюдаемых и ожидаемых генотипов генному равновесию проверяли методом хи-квадрат (χ^2).

Результаты и обсуждение. Анализ генетической структуры стада по полиморфизму гена гормона роста свидетельствует о наличии особей 3-х генотипов (LL-LV-VV) в исследуемых выборках животных независимо от сезона рождения (табл. 1), причём встречаемость полиморфных вариантов гена *GH* у бычков от осеннего отёла не соответствовала ожидаемому распределению Харди – Вайнберга ($\chi^2 = 7,58$; $P < 0,05$), тогда как у молодняка весеннего отёла была близка к равновесному состоянию ($\chi^2 = 2,23$; $P > 0,05$). Общей тенденцией для бычков I и II групп была невысокая частота гомозиготного генотипа *GH^{vv}*, которая варьировала от 0,166 до 0,298 у I и II группы соответственно. Напротив, гомозиготный вариант *GH^{LL}* имел доминирующее распространение в стаде, объединяющий 38,6–46,7% особей изучаемых выборок.

Молодняк I группы отличался более высокой частотой встречаемости генотипов LL (на 0,081) и LV (на 0,051) относительно II группы животных, в то время как бычки II группы превосходили аналогов осеннего сезона отёла по доле особей с вариантом VV гена гормона роста на 0,132.

Встречаемость аллелей также различалась между исследуемыми выборками животных, при этом частота преобладающей L аллели гена гормона роста варьировала в пределах 0,544–0,650

при максимальном значении у молодняка I группы. Наивысшее распространение альтернативной V-аллели отмечалось во II группе бычков, которая превосходила на 0,106 аналогов осеннего сезона отёла.

Различия в генетической структуре между двумя выборками бычков, в зависимости от сезона рождения, обуславливались генотипами родительских пар, участвующих в племенном подборе. В первую очередь, пластичность генофонда определяется использованием отцов-носителей альтернативных аллелей [3]. Ротация быков-производителей в маточных гуртах во время случной кампании обеспечит более выровненное по генотипу потомство. Поэтому важно при изучении генетической структуры популяции оценить распределение генотипов у всего поколения ремонтного молодняка. Так, в среднем по всем бычкам доля носителей гомозиготных генотипов различалась на 19,6% в пользу LL-варианта гена *GH*. Гетерозиготный генотип встречался у трети (34,2%) поголовья. Гетерогенность популяции, в зависимости от сезона отёла, значительно повлияла на несбалансированное состояние генофонда стада, исходя из достоверной разницы между наблюдаемыми и ожидаемыми частотами генотипов по гену *GH* ($\chi^2 = 9,7$; $P < 0,01$). Это свидетельствует о том, что большое влияние на структуру генофонда изучаемого стада оказывает организация воспроизводства поголовья и племенной подбор родительских пар [13].

Аналогичные результаты получены при генотипировании бычков по полиморфизму гена

Таблица 1 – Генетическая структура казахской белоголовой породы по полиморфизмам генов *GH* и *LEP*

Группа		Частота встречаемости					χ²
		генотипов			аллелей		
GH							
I группа (n = 60)	Фактическая	LL	LV	VV	L	V	2,23 (P = 0,33)
		0,467	0,367	0,166	0,650	0,350	
	Ожидаемая	0,422	0,455	0,123			
II группа (n = 57)	Фактическая	0,386	0,316	0,298	0,544	0,456	7,58 (P = 0,02)
	Ожидаемая	0,296	0,496	0,208			
В среднем (n = 117)	Фактическая	0,427	0,342	0,231	0,598	0,402	9,7 (P = 0,008)
	Ожидаемая	0,358	0,480	0,162			
LEP							
I группа (n = 60)	Фактическая	AA	AV	VV	A	V	8,86 (P = 0,012)
		0,400	0,300	0,300	0,550	0,450	
	Ожидаемая	0,303	0,495	0,202			
II группа (n = 57)	Фактическая	0,719	0,263	0,018	0,851	0,149	0,05 (P = 0,974)
	Ожидаемая	0,724	0,254	0,022			
В среднем (n = 117)	Фактическая	0,556	0,282	0,162	0,697	0,303	12,82 (P = 0,002)
	Ожидаемая	0,486	0,422	0,092			

LEP, где было выявлено различное соответствие структуры генофонда равновесному состоянию по закону Харди – Вайнберга в изучаемых выборках. Так, отклонение фактической частоты генотипов от ожидаемой в целом по стаду было достоверным ($\chi^2 = 12,82$; $P < 0,01$). Однако если рассматривать выборки по отдельности, то во II группе молодняка распределение генотипов было близко к оптимальному соотношению ($\chi^2 = 0,05$; $P = 0,974$), в то время как бычки I группы характеризовались неравновесным состоянием генофонда ($\chi^2 = 8,86$; $P < 0,05$). Кроме того, в выборке II группы наибольшее распространение получили гомозиготные особи *LEP^{AA}* с превосходством на 0,456–0,701 относительно носителей гетерозиготных и гомозиготных генотипов *LEP^{Av}* и *LEP^{VV}* соответственно. В генофонде бычков I подборки была схожая ситуация, но с меньшей разностью в частотах. Так, наивысшая встречаемость (0,400) выявлена у генотипа *LEP^{AA}*, что превышало долю гетерозиготных и гомозиготных носителей на 10%.

Сравнивая структуры генофонда двух групп по гену *LEP*, следует отметить существенные различия по встречаемости носителей гомозиготных генотипов. Так, минимальное распространение получили особи с вариантом *LEP^{VV}* (0,300) и (0,018), а разность между бычками разных сезонов отёла составила 28,2% в пользу I группы. Обратная тенденция выявлена при анализе встречаемости варианта *LEP^{AA}* гена лептина, когда доля молодняка II группы превосходила аналогов по генотипу на 31,9%. Между количеством гетерозиготных особей в двух выборках бычков различия были минимальными – 3,7%.

Особенности генетической структуры анализируемых групп стада по гену лептина были сопряжены с различной аллельной частотой в отдельной категории популяции. Так, для I группы

отмечалась относительно невысокая разность (0,100). Однако для II группы животных по встречаемости альтернативных аллелей гена *LEP* отмечалось высокое значение разности, составляющее 0,702. Ранг распределения по встречаемости носителей аллелей гена лептина в разных сегментах животных был одинаков. Так, в изучаемых группах с наибольшей частотой имелись особи с L-аллелью. Разница по встречаемости соответствующих аллелей между исследуемыми выборками составляла 0,301.

В целом по поголовью ремонтных бычков доля доминирующего *LEP^{AA}* генотипа превосходила количество особей других вариантов гена на 27,4–39,4%. Тем не менее, наличие в популяции 30,3% носителей V-аллели позволяет организовать целенаправленную селекционно-племенную работу с учётом полиморфизма гена *LEP*.

Изучаемое поголовье бычков характеризуется разным уровнем внутрипопуляционной изменчивости в зависимости от анализируемого полиморфизма и сезона рождения (табл. 2). Наблюдаемая гетерозиготность (H_o) по гену гормона роста в среднем по популяции составляла 0,342 и превышала данный параметр по гену лептина на 0,060. Схожий характер взаимосвязи отмечался и у ожидаемой гетерозиготности (H_e). Так, данный показатель при генотипировании стада по полиморфизму гена гормона роста равнялся 0,480, что превышало теоретическое генное разнообразие по гену *LEP* на 0,058.

Общим для исследуемых выборок и изучаемых нуклеотидных замен являлось превышение ожидаемой гетерозиготности над наблюдаемой, за исключением молодняка II группы по полиморфизму *LEP*, где разница между H_o и H_e составляла 0,009. Это свидетельствует о некотором снижении уровня генетического разнообразия вследствие

Таблица 2 – Оценка генетического разнообразия казахской белоголовой породы по полиморфизмам генов *GH* и *LEP*

Группа	Гетерозиготность		Тест гетерозиготности	Эффективное число аллелей (N _e)	Оценка избытка гетерозигот (D)
	наблюдаемая (H _o)	ожидаемая (H _e)			
GH					
I группа	0,367	0,455	-0,088 H _o < H _e	1,835	-0,193
II группа	0,316	0,496	-0,180 H _o < H _e	1,984	-0,363
В среднем	0,342	0,480	-0,138 H _o < H _e	1,976	-0,287
LEP					
I группа	0,300	0,495	-0,195 H _o < H _e	1,980	-0,394
II группа	0,263	0,254	0,009 H _o > H _e	1,340	0,035
В среднем	0,282	0,422	-0,140 H _o < H _e	1,730	-0,332

неслучайного скрещивания и давления искусственного отбора, а также о повышении инбредности популяции. Следует отметить, что согласно тесту гетерозиготности более существенная разница между наблюдаемым и ожидаемым параметром изменчивости отмечалась также в гене *LEP*, которая равнялась $-0,195$ у бычков I группы.

Мониторинг генофонда изучаемой популяции выявил дефицит гетерозигот (за исключением бычков II группы, генотипированных по полиморфизму *LEP*), что свидетельствует об отклонении генетической структуры стада от равновесного состояния.

В то же время незначительный диапазон генетического разнообразия популяции Южного Урала сопровождался наличием достаточно высокого числа эффективных аллелей. Причём в среднем по гену гормона роста данный параметр достигал $1,974$, что превышало соответствующие показатели при *LEP* полиморфизме на $0,246$.

Выводы. Результаты мониторинга свидетельствуют, что в двух последовательных поколениях бычков (весеннего и осеннего сезонов рождения) казахской белоголовой породы присутствуют аллели L и V в локусе гена гормона роста, а также A и V – в локусе гена лептина. Различия по частоте встречаемости аллелей и генотипов изучаемых полиморфизмов в зависимости от сезона отёла обуславливаются влиянием организации воспроизводства стада и племенного подбора родительских пар на структуру генофонда популяции. Ротация бычков-производителей в маточных гуртах во время случной кампании обеспечила неравновесное состояние генофонда, исходя из достоверной разницы между наблюдаемыми и ожидаемыми частотами генотипов по генам *GH* и *LEP* ($\chi^2 = 9,7-12,82$; $P < 0,01$). Предпосылками для организации селекционно-племенной работы с использованием изучаемых маркеров является относительно высокое число эффективных аллелей ($N_e = 1,730-1,976$).

Список источников

1. Beketov S. V., Piskunov A. K., Voronkova V. N. [et al.] Genetic Diversity and Phylogeny of Fleece-Bearing Goats of Central and Middle Asia // Russian Journal of Genetics. 2021. Vol. 57, No. 7. P. 816–824. DOI 10.1134/S1022795421070036. EDN WPOZTR.
2. Калашников А. Е., Калашникова Л. А. Наблюдаемые полиморфизмы генов TLR2 и TLR3 врождённого иммунитета крупного рогатого скота // Вестник АПК Верхневолжья. 2025. № 2 (70). С. 51–55. DOI 10.35694/YARCX.2025.70.2.008.
3. Герасимов Н. П. Генетическая структура казахского белоголового скота по комбинации полиморфизмов GH (g. 2141C>g) и GHR (g. 914T>A) // Труды Кубанского государственного аграрного университета. 2022. № 97. С. 155–160. DOI 10.21515/1999-1703-97-155-160. EDN ZDSQFS.
4. Tyulebaev S. D., Kadysheva M. D. Polymorphism of genes among heifers with different types of constitution // IOP Conference Series: Earth and Environmental Science, Volgograd, 17–18 июня 2021 года / Krasnoyarsk Science and Technology City Hall of the Russian Union of Scientific and Engineering. Krasnoyarsk, Russian Federation : IOP Publishing Ltd, 2021. Vol. 848. P. 12213. DOI 10.1088/1755-1315/848/1/012213. EDN LBEAZM.
5. Габидулин В. М. Характеристика генеалогической структуры стада маток абердин-ангусской породы по группам крови и ДНК-маркеру CASTUOGC282G // Вестник НГАУ (Новосибирский государственный аграрный университет). 2023. № 2 (67). С. 156–162. DOI 10.31677/2072-6724-2023-67-2-156-162. EDN JFDAAM.
6. Суржикова Е. С., Дубовскова М. П., Герасимов Н. П. Полиморфизм генов CAPN1(с. 316 C>G), TG5(с. 422C>T), GH (с.2141C>G), LEP(с.73C>T) у молодняка мясного скота герефордской породы Ставропольской популяции // Животноводство и кормопроизводство. 2021. Т. 104, № 4. С. 67–78. DOI 10.33284/2658-3135-104-4-67. EDN ENTUGU.
7. Дубовскова М. П., Герасимов Н. П. Генетическая структура и ассоциация полиморфизма генов гормона роста (L127V) и лептина (A80V) с продуктивностью в северо-кавказской популяции герефордской породы // Животноводство и кормопроизводство. 2020. Т. 103, № 3. С. 91–101. DOI 10.33284/2658-3135-103-3-91. EDN ZNLSRY.
8. Селионова М. И., Плахтюкова В. Р. Мясная продуктивность бычков казахской белоголовой породы разных генотипов по генам CAPN1 и GH // Молочное и мясное скотоводство. 2020. № 4. С. 9–12. DOI 10.33943/MMS.2020.96.35.003. EDN PSUUWU.
9. Седых Т. А., Гизатуллин Р. С., Долматова И. Ю. [и др.] Полиморфизм гена соматотропного гормона в связи с качеством туш мясного скота // Российская сельскохозяйственная наука. 2020. № 2. С. 53–57. DOI 10.31857/S2500-2627-2020-2-53-57. EDN KLUYDL.
10. Dzhulamanov K. M., Makaev Sh. A., Gerasimov N. P. Evaluation of the gene pool by GH L127V and GHR F279Y polymorphisms in Kazakh White-Headed cattle // Agrarian Bulletin of the Urals. 2022. No. 12 (227). P. 35–41. DOI 10.32417/1997-4868-2022-227-12-35-41. EDN SNZPKX.
11. Dubovskova M. P., Gerasimov N. P. Genetic constants of CAPN1, TG5, GH and LEP genes in Hereford bull-calves and heifers of different generations // AIP Conference Proceedings : Krasnoyarsk, 29–31 июля 2021 года. Krasnoyarsk, 2022. P. 070062. DOI 10.1063/5.0093938. EDN GVQNMS.

12. Dzhulamanov K. M., Lebedev S. V., Gerasimov N. [et al.] Effect of leptin C528T and leptin C73T polymorphisms and pregnancy on adipose tissue formation and carcass grade in Aberdeen Angus heifers and first-calf cows // *Veterinary World*. 2022. P. 1632–1640. DOI 10.14202/vetworld.2022.1632-1640. EDN UUFJMP.

13. Дубовскова М. П., Герасимов Н. П. Характеристика генетической структуры стада племенных бычков герефордской породы по полиморфизму генов GH (с. 2141C>G) и TG5 (с. -422C>T) в динамике поколений // *Животноводство и кормопроизводство*. 2021. Т. 104, № 4. С. 47–56. DOI 10.33284/2658-3135-104-4-47. EDN CHOYEQ.

References

1. Beketov S. V., Piskunov A. K., Voronkova V. N. [et al.] Genetic Diversity and Phylogeny of Fleece-Bearing Goats of Central and Middle Asia // *Russian Journal of Genetics*. 2021. Vol. 57, No. 7. P. 816–824. DOI 10.1134/S1022795421070036. EDN WPOZTR.

2. Kalashnikov A. E., Kalashnikova L. A. Nablyudaemye polimorfizmy genov TLR2 i TLR3 vrozhdynnogo imuniteta krupnogo rogatogo skota // *Vestnik APK Verhnevolzh'ya*. 2025. № 2 (70). С. 51–55. DOI 10.35694/YARCX.2025.70.2.008.

3. Gerasimov N. P. Geneticheskaya struktura kazhskogo belogolovogo skota po kombinacii polimorfizmov GH (g. 2141C>g) i GHR (g. 914T>A) // *Trudy Kubanskogo gosudarstvennogo agrarnogo universiteta*. 2022. № 97. С. 155–160. DOI 10.21515/1999-1703-97-155-160. EDN ZDSQFS.

4. Tyulebaev S. D., Kadysheva M. D. Polymorphism of genes among heifers with different types of constitution // *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science, Volgograd, 17–18 iyunya 2021 goda / Krasnoyarsk Science and Technology City Hall of the Russian Union of Scientific and Engineering*. Krasnoyarsk, Russian Federation : IOP Publishing Ltd, 2021. Vol. 848. P. 12213. DOI 10.1088/1755-1315/848/1/012213. EDN LBEAZM.

5. Gabidulin V. M. Harakteristika genealogicheskoy struktury stada matok aberdin-angusskoj porody po gruppam krov i DNK-markeru CASTUOGC282G // *Vestnik NGAU (Novosibirskij gosudarstvennyj agrarnyj universitet)*. 2023. № 2 (67). С. 156–162. DOI 10.31677/2072-6724-2023-67-2-156-162. EDN JFDAAM.

6. Surzhikova E. S., Dubovskova M. P., Gerasimov N. P. Polimorfizm genov CAPN1(c. 316 C>G), TG5(c.-422C>T), GH (c.2141C>G), LEP(c.73C>T) u molodnyaka myasnogo skota gerefordskoj porody Stavropol'skoj populyacii // *Zhivotnovodstvo i kormoproizvodstvo*. 2021. Т. 104, № 4. С. 67–78. DOI 10.33284/2658-3135-104-4-67. EDN ENTUGU.

7. Dubovskova M. P., Gerasimov N. P. Geneticheskaya struktura i asociaciya polimorfizma genov gormona rosta (L127V) i leptina (A80V) s produktivnost'yu v severo-kavkazskoj populyacii gerefordskoj porody // *Zhivotnovodstvo i kormoproizvodstvo*. 2020. Т. 103, № 3. С. 91–101. DOI 10.33284/2658-3135-103-3-91. EDN ZNLSRY.

8. Selionova M. I., Plakhtyukova V. R. Myasnaya produktivnost' bychkov kazhskoj belogolovoj porody raznyh genotipov po genam CAPN1 i GH // *Molochnoe i myasnoe skotovodstvo*. 2020. № 4. С. 9–12. DOI 10.33943/MMS.2020.96.35.003. EDN PSUUWU.

9. Sedykh T. A., Gizatullin R. S., Dolmatova I. Yu. [i dr.] Polimorfizm gena somatotrofnogo gormona v svyazi s kachestvom tush myasnogo skota // *Rossiyskaya sel'skohozyajstvennaya nauka*. 2020. № 2. С. 53–57. DOI 10.31857/S2500-2627-2020-2-53-57. EDN KLUYDL.

10. Dzhulamanov K. M., Makaev Sh. A., Gerasimov N. P. Evaluation of the gene pool by GH L127V and GHR F279Y polymorphisms in Kazakh White-Headed cattle // *Agrarian Bulletin of the Urals*. 2022. No. 12 (227). P. 35–41. DOI 10.32417/1997-4868-2022-227-12-35-41. EDN SNZPXK.

11. Dubovskova M. P., Gerasimov N. P. Genetic constants of CAPN1, TG5, GH and LEP genes in Hereford bull-calves and heifers of different generations // *AIP Conference Proceedings : Krasnoyarsk, 29–31 iyulya 2021 goda*. Krasnoyarsk, 2022. P. 070062. DOI 10.1063/5.0093938. EDN GVQNMMS.

12. Dzhulamanov K. M., Lebedev S. V., Gerasimov N. [et al.] Effect of leptin C528T and leptin C73T polymorphisms and pregnancy on adipose tissue formation and carcass grade in Aberdeen Angus heifers and first-calf cows // *Veterinary World*. 2022. P. 1632–1640. DOI 10.14202/vetworld.2022.1632-1640. EDN UUFJMP.

13. Dubovskova M. P., Gerasimov N. P. Harakteristika geneticheskoy struktury stada plemennyh bychkov gerefordskoj porody po polimorfizmu genov GH (с. 2141C>G) i TG5 (с. -422C>T) v dinamike pokolenij // *Zhivotnovodstvo i kormoproizvodstvo*. 2021. Т. 104, № 4. С. 47–56. DOI 10.33284/2658-3135-104-4-47. EDN CHOYEQ.

Сведения об авторе

Альбек Комарович Сангаков – аспирант селекционно-генетического центра по мясным породам скота, Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий Российской академии наук», spin-код: 9654-0744.

Information about the author

Al'bek K. Sangakov – postgraduate student of the Selection and Genetic Center for Beef Cattle Breeds, Federal State Scientific Institution "Federal Research Centre of Biological Systems and Agro-technologies of the Russian Academy of Sciences", spin-code: 9654-0744.