

Оригинальная статья / Original article  
УДК 591.151:636.22/.28.082.13(470.67)  
DOI: 10.18470/1992-1098-2020-2-165-171

## Полиморфизм генов *PIT-1*, *PRL*, *GH* молочного скота кавказской бурой породы, разводимого в различных природно-экологических зонах Республики Дагестан

Алимсолтан А. Оздемиров<sup>1</sup>, Марина И. Селионова<sup>2</sup>, Людмила Н. Чижова<sup>2</sup> ,  
Абдусалам А. Хожоков<sup>1</sup>, Евгения С. Суржикова<sup>2</sup>, Джавгарат М. Рамазанова<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Федеральный аграрный научный центр РД, Махачкала, Россия

<sup>2</sup>Северо-Кавказский Федеральный научный аграрный центр, Михайловск, Россия

### Контактное лицо

Людмила Н. Чижова, доктор сельскохозяйственных наук, профессор, главный научный сотрудник лаборатории иммуногенетики и ДНК-технологий, ФГБНУ «Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр»; 356241, Россия, г. Михайловск, ул. Никонова, 49.  
Тел. +7(8652)717218  
Email [immunogenetika@yandex.ru](mailto:immunogenetika@yandex.ru)  
ORCID <https://orcid.org/0000-0002-4029-0482>

### Формат цитирования

Оздемиров А.А., Селионова М.И., Чижова Л.Н., Хожоков А.А., Суржикова Е.С., Рамазанова Д.М. Полиморфизм генов *PIT-1*, *PRL*, *GH* молочного скота кавказской бурой породы, разводимого в различных природно-экологических зонах Республики Дагестан // Юг России: экология, развитие. 2020. Т.15, N 2. С. 165-171.  
DOI: 10.18470/1992-1098-2020-2-165-171

Получена 16 января 2020 г.  
Прошла рецензирование 12 марта 2020 г.  
Принята 23 марта 2020 г.

### Резюме

**Цель.** Широкое распространение так называемых коммерческих пород приводит к потере уникального генофонда аборигенных пород, сужению той генетической базы, которая необходима для сохранения, увеличения генетического разнообразия еще сохранившихся пород скота. К таким породам относится кавказская бурая. В связи с этим целью настоящих исследований явилось изучение полиморфизма генов *PIT-1*, *PRL*, *GH* молочного скота, разводимого в разных эколого-климатических зонах Республики Дагестан, для выявления генотипов носителей селекционно-значимых маркерных аллелей для сохранения и дальнейшего использования их в селекционном процессе.

**Материал и методы.** Использованием методов ПЦР-ПДРФ проведено генотипирование коров кавказской бурой породы, разводимой в разных природно-климатических зонах. Изучен полиморфизм генов *PIT-1*, *PRL*, *GH*, проведен анализ их аллельного спектра, выявлены генотипы, проведен популяционный анализ их распределения в исследуемом поголовье, изучены особенности генетической структуры исследуемых популяций в связи с условиями среды их обитания.

**Результаты.** Установлено своеобразие аллельного спектра генов *PIT-1*, *PRL*, *GH* характерное для каждой исследуемой популяции животных. Выявлены гомо-, гетерозиготные генотипы носители желательных маркерных аллелей с частотой встречаемости, зависящей как от гена, так и популяционной принадлежности животных. Выявлены особенности генетической структуры изучаемых генов в исследуемых популяциях.

**Заключение.** Полученные данные свидетельствуют о генетическом своеобразии кавказской бурой породы, разводимой в разных природно-климатических зонах Республики Дагестан и вероятно, связаны с проявлением такой адаптации, характер которой складывается под влиянием сложившихся экологических, природно-климатических условий среды обитания.

### Ключевые слова

Генодиагностика, генофонд, популяция, адаптация, молочный скот, кавказская бурая порода.

# Polymorphism of PIT-1, PRL and GH genes in dairy cattle of the Caucasian Brown breed bred in various natural ecological zones of the Republic of Dagestan, Russia

Alimsoltan A. Ozdemirov<sup>1</sup>, Marina I. Selionova<sup>2</sup>, Lyudmila N. Chizhova<sup>2</sup> ,  
Abdusalam A. Khozhokov<sup>1</sup>, Evgeniya S. Surzhikova<sup>2</sup> and Dzhavgarat M. Ramazanova<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Federal Agricultural Research Centre of the Republic of Dagestan, Makhachkala, Russia

<sup>2</sup>North Caucasus Federal Agricultural Research Centre, Mikhailovsk, Russia

## Principal contact

Lyudmila N. Chizhova, Doctor of Agricultural Sciences, Professor and chief researcher, Laboratory of Immunogenetics and DNA Technologies, North Caucasus Federal Agricultural Research Centre; 49 Nikonova St, Mikhailovsk, Russia 356241.  
Tel. +7(8652)717218  
E-mail [mmunogenetika@yandex.ru](mailto:mmunogenetika@yandex.ru)  
ORCID <https://orcid.org/0000-0002-4029-0482>

## How to cite this article

Ozdemirov A.A., Selionova M.I., Chizhova L.N., Khozhokov A.A., Surzhikova E.S., Ramazanova D.M. Polymorphism of PIT-1, PRL and GH genes in dairy cattle of the Caucasian Brown breed bred in various natural ecological zones of the Republic of Dagestan, Russia. *South of Russia: ecology, development*. 2020, vol. 15, no. 2, pp. 165-171. (In Russian) DOI: 10.18470/1992-1098-2020-2-165-171

Received 16 January 2020

Revised 12 March 2020

Accepted 23 March 2020

## Abstract

**Aim.** The widespread use of so-called commercial breeds leads to the loss of a unique gene pool of native breeds and the narrowing of the genetic base that is necessary to preserve and to increase the genetic diversity of cattle breeds which are still preserved. These breeds include the Caucasian Brown. In connection, the aim of this research was to study the polymorphism of *PIT-1*, *PRL* and *GH* genes in dairy cattle bred in different ecological climatic zones of the Republic of Dagestan to identify the genotypes of carriers of selection-significant marker alleles for their preservation and further use in the selection process.

**Material and Methods.** Genotyping of the Caucasian brown breed cows bred in different natural climatic zones was carried out using PCR-RFLP methods. The polymorphism of *PIT-1*, *PRL* and *GH* genes was studied, population analysis of their distribution in the cattle stock studied was carried out and the features of the genetic structure in the researched populations were studied in relation to the conditions of their habitat.

**Results.** The specific allelic *PIT-1*, *PRL*, and *GH* gene spectrum, characteristic for each animal population studied has been established. Homozygous and heterozygous carrier genotypes of the desired marker alleles with frequency of occurrence depending on both the gene and the animal population were identified. The genetic structural features of the genes studied in the researched populations were revealed.

**Conclusion.** The data obtained indicate the genetic uniqueness of the Caucasian Brown breed bred in different natural climatic zones in the Republic of Dagestan and are probably associated with the manifestation of adaptations, the nature of which has developed under the influence of the prevailing ecological, natural climatic conditions of its habitat.

## Key Words

Gene diagnosis, gene pool, population, adaptation, dairy cattle, Caucasian Brown breed.

## ВВЕДЕНИЕ

При действии на организм животных неблагоприятных экологических условий, процесс адаптации и компенсации сопровождается изменениями в координации целого ряда систем: морфологических, биохимических, иммунологических и других, с одной стороны, формированием и закреплением такого механизма адаптации, который путем увеличения избирательной активности определенных генов, их экспрессии, повышения активности клеточных структур, обеспечивает лучшую выживаемость животных при изменении условий содержания, с другой.

Пути адаптации к конкретным условиям различны. Это прежде всего сбалансированный отбор, направленный на поддержание аллельного многообразия генов, а также средовые факторы, обеспечивающих генетическую изменчивость популяции [1; 2]. Этот популяционно-генетический параметр, характеризующий особенности генетической структуры как отдельно взятого животного, так и стада, популяции, породы, в целом, широко используется для оценки, контроля и управления генетическими ресурсами сельскохозяйственных животных. Это является особо актуальным для всего мирового сообщества, из-за происходящего, беспрецедентно быстрыми темпами, сокращения биоразнообразия, которое приобретает не только социально-экономический, экологический характер, но и создаст реальную угрозу потери породного разнообразия генофонда сельскохозяйственных животных [3].

Анализ данных ФАО свидетельствует, что в течение первых шести лет XXI века более 60 пород полностью исчезли, то есть за один месяц исчезает одна порода, унося с собой уникальные генетические данные. Утеря породного разнообразия в нашей стране может привести к сокращению собственных генетических ресурсов, зависимости от импортных поставок животных. В этой связи, не менее актуальна информация о генетической структуре местных, локальных пород, так как специфический уклад их генов особо важен для создания генетических обоснованных программ по сохранению биоразнообразия и рационального использования отечественных генетических ресурсов [4]. При этом особо важное значение имеет оценка генофонда аборигенных пород, как источника сохранения генетической изменчивости, а в перспективе устойчивого повышения биоразнообразия.

Молочный скот кавказской бурой породы, формировавшейся длительное время в конкретных географических зонах Республики Дагестан, хорошо адаптирован к определенному уровню кормления и природно-климатическим условиям равнинной, горной и предгорной зон. Вследствие высокой адаптивной пластичности и способности производить продукцию в суровых условиях животные этой породы пользуются большим спросом.

С развитием молекулярно-генетических методов исследований, позволяющих амплифицировать большое количество определенных участков ДНК, с последующим анализом – полиморфизма этого

участка, стало возможным осуществление не только поиска ключевых генов, полиморфизм которых ассоциирован с хозяйственно-ценными признаками, но и сохранения, накопления селекционно-значимых генотипов в племенных стадах [5; 6].

В качестве генов, маркирующих молочную продуктивность крупного рогатого скота, рассматриваются такие гены, как *гипофизарный фактор транскрипции (PIT-1)*, *пролактин (PRL)*, *соматотропин (GH)*.

*Гипофизарный фактор транскрипции (PIT-1)*, расположенный у крупного рогатого скота в центромерной зоне первой хромосомы, занимает особое место в детерминации молочной продуктивности и рассматривается как третья самая высокая ступень в регуляции этого процесса. Доказано, что на ранних этапах эмбриогенеза он направляет дифференциацию клеток гипофиза, определяет развитие зон, ответственных за синтез соматотропина, пролактина и участвует в регуляции экспрессии их генов.

*Ген пролактин (PRL)*, расположенный у крупного рогатого скота на 23 хромосоме, является одним из универсальных гормонов гипофиза, относится к семейству белковых гормонов, участвующих в инициации и поддержании лактации [7].

*Соматотропин (GH)* продуцируется передней долей гипофиза, является одним из важнейших регуляторов соматического роста животных. Установлено, что ген, контролирующий синтез соматотропина, регулирует рост животного, а также играет ключевую роль в обменных процессах (углеводном и жировом) [8].

Генетическое маркирование сельскохозяйственных животных в странах с хорошо развитым животноводством является обязательным условием. В последние годы значительно возрос интерес к этому направлению исследований и в РФ. В силу разных причин как объективных, так и субъективных применение методов ДНК-диагностики в селекции крупного рогатого скота и, в частности, кавказской бурой породы, разводимой в Республики Дагестан, не приводится. Выявление особенности полиморфизма генов *гипофизарного фактора транскрипции (PIT-1)*, *пролактина (PRL)*, *соматотропина (GH)*, контролирующих молочную продуктивность, представляет особый интерес в контексте адаптации молочного скота кавказской бурой породы, разводимой в разных природно-климатических зонах Республики Дагестан, а также как источника, уникального аллельного своеобразие генов, маркирующих высокую молочную продуктивность, что явилось целью настоящих исследований.

## МАТЕРИАЛ И МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЙ

Научно-исследовательская работа выполнялась на крупном рогатом скоте (коровы, n=70) кавказской бурой породы, разводимой в разных эколого-географических зонах Республики Дагестан: равнинная местность, высота над уровнем моря 100-250 м (n=20), горная местность, высота над уровнем моря 650-1250 м

(n=50). Биоматериалом являлась ДНК, выделенная из образцов крови исследуемых животных с использованием набора реагентов для выделения ДНК «DIAtomtmDNAprep» (IsoGeneLab, Москва). Выход ДНК составил 3-5мкг/100мкл с OD 260/280 от 1,6 до 2,0. Для проведения ПЦР применялись наборы «GenePakPCRCore», (IsoGeneLab, Москва).

Методом ПЦР-ПДФ (полимиразно-цепная реакция – полиморфизм длин рестрикционных

фрагментов) на программируемом четырехканальном термоциклере «Терцик» фирмы «ДНК-технология» (Россия) проведено генотипирование исследуемых популяций коров для изучения полиморфизма генов гипофизарного фактора транскрипции (*PIT-1*), пролактина (*PRL*), соматотропина (*GH*) [9; 10]. Полимеразно-цепная реакция (ПЦР) осуществлялась с использованием специфических праймеров (табл. 1).

**Таблица 1.** Характеристика аллельных вариантов

**Table 1.** Characterization of allelic variants

Нуклеотидные последовательности Nucleotide sequences	T°C, отжига T°C, annealing	Генотип Genotype	Амплификат, (п.н.) Amplified (p.n.)	Эндонуклаза / замена нуклеотида Endonuclease / Nucleotide replacement
<b>PIT-1</b>				
F:5'-caatgagaaagtgtgtgc-3' R:5'-tctgcattcgagatgctc-3'	55	AA/AB/BB	660	HinfI / A→G
<b>PRL</b>				
F:5'-cgagtccttatgagcttgattctt-3' R:5'-gccttcagaagctgtttgttttc-3'	63	AA/AB/BB	156	RsaI / A→G
<b>GH</b>				
F:5'-gctgctcctgagccttcg-3' R:5'-gctgctcctgagccttcg-3'	65	VV/VL/LL	223	AluI / C→A

Методом гель-электрофореза определялось число и длина фрагментов рестрикции в 1,8-2,5% агарозном геле при УФ-свете после окрашивания бромистым этидием. В качестве маркера молекулярных масс использовался стандартный набор М 50 «GenePakDNA Markers» (IsoGene Lab).

#### ПОЛУЧЕННЫЕ РЕЗУЛЬТАТЫ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ

Анализом результатов генотипирования исследуемого поголовья установлено, что полиморфизм изучаемых генов, представлен двумя аллелями: гипофизарный фактор транскрипции (*PIT-1*) аллелями *PIT-1<sup>A</sup>* и *PIT-1<sup>B</sup>*;

пролактина *PRL* – *PRL<sup>A</sup>* и *PRL<sup>B</sup>*; соматотропина *GH* – *GH<sup>V</sup>* и *GH<sup>L</sup>* с разной частотой встречаемости.

Частота встречаемости аллеля *PIT-1<sup>A</sup>* в выборке коров кавказской бурой породы, выращиваемых в условиях равнины, составила 0,18; аллеля *PIT-1<sup>B</sup>* – 0,82, в выборке коров этой же породы, но выращиваемой в условиях гор – *PIT-1<sup>A</sup>* – 0,10; *PIT-1<sup>B</sup>* – 0,90, соответственно. Что нашло отражение в частоте встречаемости как гомозиготных *PIT-1<sup>AA</sup>*, *PIT-1<sup>BB</sup>*, так и гетерозиготного *PIT-1<sup>AB</sup>* генотипов, составившей: в популяции, выращиваемых в условиях низины: *PIT-1<sup>AA</sup>* – 0; *PIT-1<sup>BB</sup>* – 65,0; *PIT-1<sup>AB</sup>* – 35,0%, в условиях гор – 2,0; 82,0; 16,0%, соответственно (табл. 2).

**Таблица 2.** Распределение генотипов в исследуемых популяциях

**Table 2.** Genotype distribution in the populations studied

Показатель Indices	PIT-1			PRL			GH		
	AA* (A)	AB	BB (B)	AA (A)	AB	BB* (B)	VV* (V)	LV	LL (L)
<b>Кавказская бурая (равнина), (n=20) / Caucasian Brown (plain), (n=20)</b>									
Частота аллеля Allele frequencies	0,18± 0,06		0,82± 0,06	0,87± 0,05		0,13± 0,05	0,20± 0,06		0,80± 0,06
Частота генотипов, % Genotype frequencies, %	0	35,0	65,0	80,0	15,0	5,0	20,0	0	80,0
<b>Кавказская бурая (горы), (n=50) / Caucasian Brown (mountains), (n=50)</b>									
Частота аллеля Allele frequencies	0,10± 0,04		0,90± 0,04	0,75± 0,06		0,25± 0,06	0,33± 0,07		0,67± 0,07
Частота генотипов, % Genotype frequencies, %	2,0	16,0	82,0	54,0	42,0	4,0	26,0	14,0	60,0

Характерная особенность аллельного спектра гена пролактина *PRL* в исследуемых популяциях выразилась в высокой (0,87) частоте встречаемости аллеля *PRL<sup>A</sup>*, но

низкой (0,13) аллеля *PRL<sup>B</sup>*, высокой (80,0%) частотой встречаемости генотипа *PRL<sup>AA</sup>*, низкой (15,0%) – *PRL<sup>AB</sup>* и очень низкой (5,0%) генотипа *PRL<sup>BB</sup>*, в популяции коров,

выращиваемых в условиях равнины, против 0,75 и 0,25; 54,0; 4,0; 42,0%, соответственно, – в горных условиях.

Неоднозначным оказалось распределение частоты встречаемости аллелей  $GH^V$  и  $GH^L$ , генотипов  $GH^{VV}$ ,  $GH^{LL}$ ,  $GH^{LV}$  в исследуемых популяциях, составившее: 0,20 и 0,80; 20,0; 0; 80,0%, соответственно, у животных, находящихся в равнинных условиях, против 0,33 и 0,67; 26,0; 60,0; 14,0%, соответственно, – в горной местности.

Сопоставление полученных данных свидетельствует о том, что распределение частоты встречаемости селекционно-значимых аллелей и генотипов в изучаемых популяциях зависело как от зоны их разведения, так и гена. Так, частота встречаемости желательного аллеля  $PIT-1^A$  в популяции коров, содержащихся в условиях равнины, в 1,8 раза была выше, по сравнению с животными, находившимися в горных условиях. Доля животных носителей гомозиготного генотипа  $PIT-1^{AA}$  в популяции, разводимой в горной местности, составила 2,0%, при его отсутствии в популяции равнины, но чаще, более чем в 2 раза (35,0%), встречался гетерозиготный генотип  $PIT-1^{AB}$  (16,0%).

Своеобразие распределения селекционно-значимого аллеля  $PRL^B$  в исследуемых популяциях

выразилось в большей (0,25), почти в 2 раза, его частоте встречаемости аллеля в популяции, выращиваемой в горных условиях, чем в равнинных (0,13). Доля животных с гомозиготным  $PRL^{BB}$  генотипом в обеих популяциях была сравнительно одинаковой (5,0 и 4,0%). Обращает на себя внимание тот факт, что присутствие гетерозиготного  $PRL^{AB}$  генотипа в популяции коров, содержащихся в горных условиях, было более чем 2,5 раза выше, чем в разводимых на равнине: 42,0, против 15,0%.

Что касается селекционно-значимого аллеля  $GH^V$ , то он чаще встречался в выборке коров из горной местности, по сравнению с равнинной: 0,33, против 0,20. При сравнительно одинаковом распределении гомозиготного  $GH^{VV}$  генотипа, составившим (0,20-0,26) в исследуемых популяциях, выявлено отсутствие гетерозиготного  $GH^{LV}$  генотипа в выборке коров, содержащихся в равнинных условиях.

Методами генетико-статистического анализа дана оценка генетической структуры исследуемых популяций молочного скота. Величина изучаемых генетических констант зависела как от ареала разведения животных, так и гена (табл. 3).

**Таблица 3.** Популяционные особенности генетической структуры молочного скота кавказской бурой породы  
**Table 3.** Population features of the genetic structure in dairy cattle of the Caucasian Brown breed

Ген Gene	Показатель Indices					
	Ca, %	Na	V, %	Hobs	Hex	TГ
<b>Кавказская бурая (равнина) / Caucasian Brown (plain)</b>						
<b>PIT-1</b>	70,5	1,42	24,5	0,538	0,870	+0,12 Ф>Т
<b>PRL</b>	77,4	1,29	17,6	0,176	0,290	- 0,11 Ф<Т
<b>GH</b>	68,0	1,47	27,0	0	0,470	- 0,47 Ф<Т
<b>Среднее по генам Genetic Average</b>	71,9	1,39	23,0	0,238	0,543	
<b>Кавказская бурая (горы) / Caucasian Brown (mountains)</b>						
<b>PIT-1</b>	82,0	1,22	16,0	0,190	0,620	- 0,03 Ф<Т
<b>PRL</b>	62,5	1,60	35,5	0,724	0,599	+0,13 Ф>Т
<b>GH</b>	55,8	1,79	42,2	0,163	0,722	- 0,56 Ф<Т
<b>Среднее по генам Genetic Average</b>	66,7	1,54	31,2	0,359	0,647	

Степень гомозиготности (Ca, %), свидетельствующая о консолидации стада, варьировала от (70,5%) в локусе гена  $PIT-1$  в выборке коров, выращиваемых в условиях равнины до (82,0%) этого же гена – в горных условиях. Характерной особенностью изучаемого показателя явилось то, что наименьшая степень гомозиготности (62,5%) в локусе гена  $PRL$  была характерна для популяции коров, содержащейся в условиях гор, в то время как наибольшая величина этого показателя (77,4%), была характерна для популяции, разводимой на равнине. Что касается степени гомозиготности гена  $GH$ , то варибельность этого показателя в исследуемых популяциях была незначительной (55,8-68,0%).

Число эффективно действующих аллелей (Na) в локусах генов  $GH$  и  $PRL$  было наибольшим (1,79 и 1,60), но наименьшим (1,22) в локусе гена  $PIT-1$  в выборке коров, содержащихся в горной местности. Число эффективно действующих аллелей в локусах генов  $PIT-1$  и  $GH$  было, сравнительно, одинаковым (1,42 и 1,47) в выборке коров, выращиваемых в низменной местности, с меньшим их количеством (1,29) в локусе  $PRL$ .

Что касается степени генетической изменчивости (V, %), то наивысшим этот показатель был в локусах генов  $GH$  и  $PRL$  в выборке коров, выращиваемых в горных условиях, составивший 42,2 и

35,5%, соответственно, против 27,0 и 17,6% – разводимых на равнине.

Уровень наблюдаемой (Hobs) и ожидаемой (Hex) гетерозиготности гена PIT-1 был более чем в 2 раза выше в выборке коров из низинной местности, по сравнению с животными, находящимися в условиях гор 0,538 и 0,870, против 0,190 и 0,620.

Что касается уровня Hobs и Hex гена PRL, он был ниже в выборке коров, разводимой в условиях равнины, чем в условия гор: 0,176 и 0,290, против 0,724 и 0,599. Неоднозначными оказались значения уровня наблюдаемой (Hobs) гетерозиготности гена GH: от отсутствия его 0 в выборке коров, содержащихся в равнине, до 0,163 – в горных условиях. Вариабельность уровня ожидаемой гетерозиготности (Hex) этого гена составила 0,722 в выборке коров, разводимой в условиях гор, против 0,470 – в условиях равнины.

Тест гетерозиготности (ТГ) изучаемых генов в исследуемых популяциях, имел, в основном, отрицательные значения с значительной вариабельностью: от 0,03 до – 0,56. Что свидетельствует о недостатке гетерозигот в исследуемых популяциях молочного скота кавказской бурой породы.

#### ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Анализом результатов генотипирования коров кавказской бурой породы установлено, что полиморфизм генов PIT-1, PRL, GH представлен двумя аллелями PIT-1<sup>A</sup> и PIT-1<sup>B</sup>; PRL<sup>A</sup> и PRL<sup>B</sup>; GH<sup>V</sup> и GH<sup>L</sup>, тремя генотипами, соответственно PIT-1<sup>AA</sup>, PIT-1<sup>BB</sup>, PIT-1<sup>AB</sup>; PRL<sup>AA</sup>, PRL<sup>BB</sup>, PRL<sup>AB</sup>; GH<sup>VV</sup>, GH<sup>LL</sup>, GH<sup>LV</sup> с разной частотой встречаемости, зависящей как от гена, так и от условий разведения животных. Установлено, что популяции коров достаточно сходны по частоте встречаемости отдельных аллелей изучаемых генов. В тоже время отмечено некоторое своеобразие, что нашло отражение в формировании генотипов. Суммарное количество селекционно-значимых генотипов носителей гомозигот (PIT-1<sup>AA</sup>, PRL<sup>AA</sup>, GH<sup>LL</sup>) в популяции коров, выращиваемой в условиях равнины составило 25,0, в условиях гор – 32,0%, носителей гетерозигот (PIT-1<sup>AB</sup>, PRL<sup>AB</sup>, GH<sup>LV</sup>), обеспечивающих генетическое разнообразие популяции, было почти в два раза выше (40,0 и 72,0%) в популяции коров выращиваемых в условиях гор. Вариабельность степени гомозиготности изучаемых популяций была не значительной, свидетельствующая о консолидации генофонда кавказской бурой породы, в тоже время степень генетической изменчивости (суммарно по генам) исследуемой выборки составила 54,2%, в том числе 23,0% – популяции в условиях равнины, 31,2% – в горных условиях. Полученные результаты свидетельствуют о своеобразии породного, популяционного генофонда молочного скота кавказской бурой породы. Выявленное своеобразие аллельного спектра изучаемых генов, вероятно, следует отнести к проявлению популяционного вида адаптации, характер которой складывается под влиянием сложившихся экологических, природно-климатических условий среды обитания.

Современные генетические подходы к совершенствованию пород, основанных на более

полной оценке генотипа животных и генетического разнообразия популяции, будут способствовать совершенствованию экологических основ сохранения местных пород, а их внутривидовая изменчивость и высокая адаптивность обеспечат устойчивое развитие животноводства в разных географических экосистемах.

#### БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

1. Столповский Ю.А. Концепция и принципы генетического мониторинга для сохранения in situ пород domestцированных животных // Сельскохозяйственная биология. 2010. Т. 45. № 6. С. 3-8.
2. Зиновьева Н.А., Сермягин А.А., Доцев А.В., Боронская О.И., Петрикеева Л.В., Абдельманова А.С., Врем Г. Генетические ресурсы животных: развитие исследований аллелофонда российских пород крупного рогатого скота – миниобзор // Сельскохозяйственная биология. 2019. Т. 54. № 4. С. 631-641. DOI: 10.15389/agrobiology.2019.4.631rus
3. Зиновьева Н.А., Доцев А.В., Сермягин А.А., Виммерс К., Рейер Х., Солкнер Й., Денискова Т.Е., Брем Г. Изучение генетического разнообразия и популяционной структуры российских пород крупного рогатого скота с использованием полногеномного анализа SNP // Сельскохозяйственная биология. 2016. Т. 51. № 6. С. 788-800. DOI: 10.15389/agrobiology.2016.6.788rus
4. Крюков В.И., Шалимова О.А., Друшляк Н.Г., Пикунова А.В. ДНК-диагностика в селекции крупного рогатого скота // Вестник ОрелГАУ. 2012. № 1. С. 62-67.
5. Долматова И.Ю., Валитов Ф.Р. Оценка генетического потенциала крупного рогатого скота по маркерным генам // Вестник Башкирского университета. 2015. Т. 20. № 3. С. 850-853.
6. Lazebnaya I.V., Lazebny O.E., Stolpovsky Yu.A. Distribution of gh1, ghr, and prl gene polymorphisms in two turano mongolian cattle breeds from russia, china, and mongolia // Molecular Phylogenetics Contributions to the 5th Moscow International Conference "Molecular Phylogenetics and Biodiversity Biobanking". A. Troitsky and L. Rusin, eds. 2018. 47 p. DOI: 10.30826/MolPhy2018-27
7. Лазебная И.В., Перчун А.В. Исследование крупного рогатого скота бурятской породы с использованием генов-кандидатов // Евразийский союз учёных. 2016. № 31-2. С. 6-9.
8. Ünal E.Ö., Kepenek E.Ş., Dinç H., Özer F., Sönmez G., Togan I., Soysal M.I. Growth hormone (GH), prolactin (PRL), and diacylglycerol acyltransferase (DGAT1) gene polymorphisms in Turkish native cattle breeds // Turkish Journal of zoology. 2015. V. 39. P. 734-748. DOI: 10.3906/zoo-1409-9
9. Селионова М.И., Чижова Л.Н., Бобрышова Г.Т., Суржикова Е.С., Михайленко А.К. Перспективные генетические маркеры крупного рогатого скота // Вестник АПК Ставрополя. 2018. № 3 (31). С. 44-51. DOI: 10.31279/2222-9345-2018-7-31-44-51
10. Селионова М.И., Чижова Л.Н., Суржикова Е.С., Шарко Г.Н., Михайленко Т.Н., Чудновец А.И. Породные особенности аллельного профиля генов, контролирующих молочную продуктивность крупного

рогатого скота // АгроЗооТехника. 2019. Т. 2. N 1. С. 3.  
DOI: 10.15838/alt.2019.2.1.3

#### REFERENCES

1. Stolpovskii Yu.A. Concept and principles of genetic monitoring for the purpose of preservation in situ of domestical animals kinds. Sel'skokhozyaistvennaya biologiya [Agricultural Biology]. 2010, vol. 45, no. 6, pp. 3-8. (In Russian)
2. Zinovieva N.A., Sermyagin A.A., Dotsev A.V., Boronetskaya O.I., Petrikeeva L.V., Abdelmanova A.S., Brem G. Animal genetic resources: developing the research of allele pool of russian cattle breeds – minireview. *Agricultural Biology*, 2019, vol. 54, no. 4, pp. 631-641. (In Russian) DOI: 10.15389/agrobiol.2019.4.631rus
3. 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. *Agricultural Biology*, 2016, vol. 51, no. 6, pp. 788-800. (In Russian) DOI: 10.15389/agrobiol.2016.6.788rus
4. Kryukov V.I., Shalimova O.A., Drushlyak N.G., Pikunova A.V. DNA diagnostics in horned cattle selection. Vestnik OrelGAU [Bulletin of the Orel State Agricultural University]. 2012, no. 1, pp. 62-67. (in Russian)
5. Dolmatova I.Y., Valitov F.R. Assessment of the genetic potential of cattle by marker genes. Vestnik Bashkirskogo universiteta [Bulletin of Bashkir University]. 2015, vol. 20, no. 3, pp. 850-853. (In Russian)

#### КРИТЕРИИ АВТОРСТВА

Абдусалам А. Хожоков и Джавгарат М. Рамазанова отобрали биоматериал для исследований; Алимсолтан А. Оздемиров, Марина И. Селионова, Людмила Н. Чижова и Евгения С. Суржикова провели ДНК-исследования и проанализировали данные. Все авторы в равной степени несут ответственность при обнаружении плагиата, самоплагиата или других неэтических проблем.

#### КОНФЛИКТ ИНТЕРЕСОВ

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

6. Lazebnaya I.V., Lazebny O.E., Stolpovsky Yu.A. Distribution of gh1, ghr, and prl gene polymorphisms in two turano mongolian cattle breeds from russia, china, and mongolia. *Molecular Phylogenetics Contributions to the 5th Moscow International Conference "Molecular Phylogenetics and Biodiversity Biobanking"*. A. Troitsky and L. Rusin, eds., 2018, 47 p. DOI: 10.30826/MolPhy2018-27
7. Lazebnaya I.V., Perchun A.V. The study of horned cattle of the Buryat breed using candidate genes. Evraziiskii soyuz uchenykh [Eurasian Union of Scientists]. 2016, no. 31-2, pp. 6-9. (In Russian)
8. Ünal E.Ö., Kepenek E.Ş., Dinç H., Özer F., Sönmez G., Togan I., Soysal M.I. Growth hormone (GH), prolactin (PRL), and diacylglycerol acyltransferase (DGAT1) gene polymorphisms in Turkish native cattle breeds. *Turkish Journal of zoology*, 2015, vol. 39, pp. 734-748. DOI: 10.3906/zoo-1409-9
9. Selionova M.I., Chizhova L.N., Bobryshova G.T., Surzhikova E.S., Mikhailenko A.K. Perspective genetic markers of horned cattle. *Agricultural Bulletin of Stavropol Region*, 2018, no. 3 (31), pp. 44-51. (In Russian) DOI: 10.31279/2222-9345-2018-7-31-44-51
10. Selionova M.I., Chizhova L.N., Surzhikova E.S., Sharko G.N., Mikhailenko T.N., Chudnovets A.I. Breed characteristics of the allelic profile of the genes that control milk production in cattle. *AgroZooTehnika*, 2019, vol. 2, no. 1, 3 p. DOI: 10.15838/alt.2019.2.1.3

#### AUTHOR CONTRIBUTIONS

Abdusalam A. Khozhokov and Dzhavgarat M. Ramazanova selected biomaterial for research. Alimsoltan A. Ozdemirov, Marina I. Selionova, Lyudmila N. Chizhova and Evgeniya S. Surzhikova conducted DNA research and analyzed data. All authors equally participated in writing the manuscript and are equally responsible for plagiarism, self-plagiarism and other ethical transgressions.

#### NO CONFLICT OF INTEREST DECLARATION

The authors state that there is no conflict of interest.

#### ORCID

Алимсолтан А. Оздемиров / Alimsoltan A. Ozdemirov <https://orcid.org/0000-0003-2150-2192>  
 Марина И. Селионова / Marina I. Selionova <https://orcid.org/0000-0002-9501-8080>  
 Людмила Н. Чижова / Lyudmila N. Chizhova <https://orcid.org/0000-0002-4029-0482>  
 Абдусалам А. Хожоков / Abdusalam A. Khozhokov <https://orcid.org/0000-0002-7303-0222>  
 Евгения С. Суржикова / Evgeniya S. Surzhikova <https://orcid.org/0000-0002-3955-0902>  
 Джавгарат М. Рамазанова / Dzhavgarat M. Ramazanova <https://orcid.org/0000-0003-4928-1635>