

Оригинальная статья / Original article
УДК 636.32/.38.082.4:575.174
DOI: 10.18470/1992-1098-2025-3-18



Генетическое разнообразие кандидатных маркеров у овец локальной породы Дагестана в контексте адаптации к горным пастбищным экосистемам

Индира С. Караева, Алимсолтан А. Оздемиров, Абдусалам А. Хожоков

Федеральный аграрный научный центр Республики Дагестан, Махачкала, Россия

Контактное лицо

Алимсолтан А. Оздемиров, заведующий лабораторией геномных исследований, селекции и племенного дела, ФГБНУ «Федеральный аграрный научный центр РД»; 367014 Россия, г. Махачкала, ул. А. Шахбанова, 30.
Тел. +79094806199
Email alim72@mail.ru
ORCID <https://orcid.org/0000-0003-2150-2192>

Формат цитирования

Караева И.С., Оздемиров А.А., Хожоков А.А. Генетическое разнообразие кандидатных маркеров у овец локальной породы Дагестана в контексте адаптации к горным пастбищным экосистемам // Юг России: экология, развитие. 2025. Т.20, N 3. С. 194-200. DOI: 10.18470/1992-1098-2025-3-18

Получена 1 мая 2025 г.

Прошла рецензирование 21 июня 2025 г.

Принята 25 июля 2025 г.

Резюме

Целью исследования было изучение полиморфизма генов гормона роста (GH), калпастатина (CAST), фактора роста и дифференциации 9 (GDF9) и кератиноассоциированного белка (KAP1.3) у овец локальной аборигенной породы Дагестана методом полимеразной цепной реакции с рестрикционным анализом фрагментов (PCR-RFLP). Материалом исследования послужили образцы крови 59 животных, отобранные с соблюдением этических норм. Лабораторные исследования проводили в аккредитованной лаборатории, где ДНК выделяли методом фенол-хлороформной экстракции с последующей очисткой и спектрофотометрической оценкой качества. Генотипирование выполняли с использованием специфических праймеров и эндонуклеаз рестрикции с последующим электрофоретическим разделением продуктов реакции. Установлено преобладание гомозиготных генотипов по генам GH, CAST и GDF9, сопровождающееся высокой гомозиготностью и низкой полиморфной информативностью (PIC) по этим локусам. Напротив, локус KAP1.3 характеризовался повышенным уровнем генетического разнообразия и умеренной полиморфностью (PIC=0,375). Полученные данные позволяют сфокусировать подходы к использованию изученных генетических маркеров в селекционной работе без снижения генетического разнообразия поголовья.

Ключевые слова

Локальная аборигенная порода Дагестана, генетическое разнообразие, кандидатные маркеры, адаптация, горно-отгонное животноводство, пастбищные экосистемы, полиморфическая информативность (PIC).

Genetic diversity of candidate markers in a local sheep breed from Dagestan in the context of adaptation to mountain pastoral ecosystems

Indira S. Karaeva, Alimsoltan A. Ozdemirov and Abdusalam A. Khozhokov

Federal Agrarian Scientific Centre, Republic of Dagestan, Makhachkala, Russia

Principal contact

Alimsoltan A. Ozdemirov, Head, Laboratory of Genomic Research, Selection and Breeding, Federal Agrarian Scientific Centre, Republic of Dagestan; 30 A. Shakhbanova St., Makhachkala, Russia 367014.

Tel. +79094806199

Email alim72@mail.ru

ORCID <https://orcid.org/0000-0003-2150-2192>

How to cite this article

Karaeva I.S., Ozdemirov A.A., Khozhokov A.A. Genetic diversity of candidate markers in a local sheep breed from Dagestan in the context of adaptation to mountain pastoral ecosystems. *South of Russia: ecology, development*. 2025; 20(3):194-200. (In Russ.) DOI: 10.18470/1992-1098-2025-3-18

Received 1 May 2025

Revised 21 June 2025

Accepted 25 July 2025

Abstract

The aim of this study was to investigate the polymorphism of the growth hormone GH, calpastatin CAST, growth and differentiation factor 9 GDF9, and keratin associated protein 1.3 KAP1.3 genes in a local indigenous sheep breed from Dagestan using polymerase chain reaction with restriction fragment length polymorphism analysis PCR RFLP. The material comprised blood samples from 59 animals collected in compliance with ethical standards. Laboratory analyses were carried out in an accredited laboratory, where genomic DNA was extracted by phenol chloroform extraction followed by purification and spectrophotometric quality assessment. Genotyping was performed using gene specific primers and restriction endonucleases followed by electrophoretic separation of the reaction products. A predominance of homozygous genotypes at the GH, CAST and GDF9 loci was observed, which was associated with high homozygosity and low polymorphic information content PIC for these loci. In contrast, the KAP1.3 locus showed an increased level of genetic diversity and moderate polymorphism with PIC equal to 0.375. These findings provide a basis for refining approaches to the use of these genetic markers in breeding programmes without reducing the genetic diversity of the population.

Key Words

Local indigenous Dagestan sheep breed, genetic diversity, candidate markers, adaptation, mountain transhumant sheep farming, pasture ecosystems, polymorphic information content (PIC).

ВВЕДЕНИЕ

Современное животноводство ориентировано на повышение эффективности производства продукции, улучшение её качества и снижение затрат на выращивание сельскохозяйственных животных. Важнейшей задачей в данном направлении является использование потенциала генетического разнообразия, что позволяет существенно ускорить селекционный прогресс по ключевым хозяйственно полезным признакам. Одним из эффективных подходов решения этой задачи является применение маркер-ориентированной селекции (MAS), основанной на выявлении и использовании генетических маркеров, тесно связанных с продуктивными качествами животных [1]. Особое внимание в селекционной практике уделяется молекулярно-генетическим маркерам, представленным однонуклеотидными полиморфизмами (SNP), которые позволяют эффективно идентифицировать животных с желательными генотипами задолго до фенотипического проявления признака [2]. Среди наиболее изучаемых и перспективных маркеров выделяются гены гормона роста (GH), калпастатина (CAST), дифференциального фактора роста (GDF9) и семейства кератиноассоциированных белков (KAP), функциональная значимость которых подтверждена многочисленными исследованиями. Так, ген GH кодирует гормон роста, ключевой регулятор процессов роста и развития животных, влияющий на массу тела, приросты и общий метаболизм [3]. Ген CAST кодирует кальпастатин – белок, подавляющий активность протеолитических ферментов кальпаинов, тем самым оказывая влияние на нежность мяса и его органолептические свойства [4]. Ген GDF9 является важнейшим регулятором репродуктивной функции овец, оказывая прямое влияние на процессы фолликулогенеза и овуляции, вследствие чего полиморфизмы в этом гене ассоциируются с многоплодием и воспроизводительными качествами [5]. В свою очередь, гены семейства KAP, включая KAP1.3, кодируют белки, ассоциированные с кератиновыми волокнами, и отвечают за прочность, толщину и структуру шерсти, играя значительную роль в шерстной продуктивности овец.

В мировой литературе накоплены данные, подтверждающие эффективность использования перечисленных маркеров в программах селекции овец различного продуктивного направления [6–8]. Однако информация о распределении генотипов и аллельных вариантов данных генов в локальных и аборигенных породах [9], таких как андийская порода овец, остаётся недостаточно изученной. Андийская порода, традиционно разводимая в условиях высокогорных районов, характеризуется адаптивными преимуществами и уникальными продуктивными качествами, что делает её объектом пристального внимания в контексте устойчивости животноводства и сохранения генетических ресурсов. В этой связи актуальным становится изучение генетического полиморфизма по генам GH, CAST, GDF9 и KAP1.3 у андийских овец, позволяющее получить ценную информацию о генетическом разнообразии, уровне гомо- и гетерозиготности и выявить потенциально полезные аллельные варианты. Данные сведения необходимы как для разработки и внедрения эффективных программ маркер-ориентированной селекции, так и для формирования стратегии по

сохранению и устойчивому использованию локальных генетических ресурсов.

Целью настоящего исследования являлось выявление и анализ полиморфизма генов GH, CAST, GDF9 и KAP1.3 у андийских овец с использованием метода полимеразной цепной реакции с рестрикционным анализом фрагментов (PCR-RFLP). В рамках исследования были поставлены задачи по определению частот генотипов и аллелей исследуемых генов, оценке уровня гомозиготности и полиморфной информативности (PIC), а также интерпретации полученных результатов в контексте их применения в селекционной практике и разработке рекомендаций по дальнейшему использованию выявленных генетических маркеров в племенном животноводстве.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЯ

Исследования были проведены на базе племенных хозяйств, специализирующихся на разведении андийских овец «Салам-А» и «Ухо». В качестве биологического материала использовали образцы крови 59 животных, полученные путём отбора из яремной вены в вакуумные пробирки, содержащие антикоагулянт ЭДТА. Отбор проб проводился с соблюдением общепринятых этических стандартов и норм обращения с животными. Лабораторные исследования осуществлялись в условиях специализированной молекулярно-генетической лаборатории Ставропольского Всероссийского научно-исследовательского института овцеводства и козоводства. Геномную ДНК выделяли из крови методом фенол-хлороформной экстракции с последующей очисткой и осаждением этанолом. Концентрацию и чистоту выделенной ДНК оценивали спектрофотометрически с использованием спектрофотометра NanoDrop (Thermo Fisher Scientific, США), измеряя оптическую плотность при длинах волн 260 и 280 нм. Генотипирование изучаемых генов GH, CAST, GDF9 и KAP1.3 проводили методом полимеразной цепной реакции с последующим рестрикционным анализом фрагментов (PCR-RFLP) [10]. Для проведения ПЦР использовали праймеры, специфичные для каждого из исследуемых локусов, которые были подобраны на основе ранее опубликованных последовательностей. Амплификацию проводили в термоциклере T100 (Bio-Rad, США) при стандартных условиях: начальная денатурация при 94°C в течение 5 минут, затем 35 циклов, состоящих из денатурации при 94°C в течение 45 секунд, отжига при специфической для каждого праймера температуре (55–62°C) в течение 45 секунд, и элонгации при 72°C в течение 1 минуты с последующим окончательным этапом элонгации при 72°C в течение 10 минут. Полученные ампликоны подвергали рестрикционному гидролизу с помощью эндонуклеаз рестрикции, специфичных для изучаемых полиморфных сайтов. Рестрикционные фрагменты разделяли посредством горизонтального электрофореза в агарозном геле концентрацией 2–3 %, содержащем бромистый этидий для визуализации. Электрофорез проводили при напряжении 120 В в течение 40–60 минут. Результаты электрофореза регистрировали при помощи системы визуализации гелей GelDoc XR+ (Bio-Rad, США). Генотипы животных определяли путём анализа размеров и количества полученных фрагментов рестрикции относительно молекулярно-массовых

маркеров. Частоты генотипов и аллелей вычисляли путём подсчёта, коэффициент гомозиготности (CA) рассчитывали как сумму долей гомозигот, а полиморфическую информативность (PIC) – по формуле $PIC = 1 - (\sum p^2 + \sum q^2) - 2p^2q^2$ для двухаллельных локусов. Статистическая обработка результатов выполнена с использованием программного обеспечения Microsoft Excel и специализированных генетико-статистических пакетов.

Полученные экспериментальные данные были тщательно проанализированы и интерпретированы в

контексте использования маркеров для маркер-ориентированной селекции и разработки практических рекомендаций по управлению генетическим разнообразием популяции андийских овец.

ПОЛУЧЕННЫЕ РЕЗУЛЬТАТЫ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ

Анализ распределения генотипов показал, что по генам CAST, GH и GDF9 наблюдается выраженное преобладание одного из гомозиготных вариантов, в то время как по гену KAP1.3 частоты генотипов оказались более сбалансированными (рис. 1).

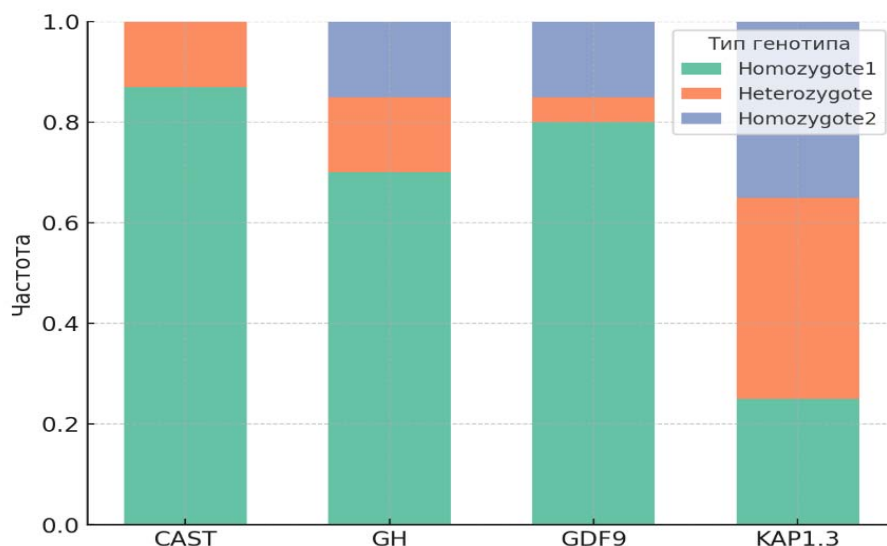


Рисунок 1. Распределение генотипов по генам CASTIM, GH, GDF9 и KAP1.3 у андийских овец

Figure 1. Genotype distribution for the CASTIM, GH, GDF9, and KAP1.3 genes in Andean sheep

Так, доминирующий генотип CAST-MM встречается у приблизительно 87 % животных, а гетерозиготы CAST-MN составляют около 13 %; генотип CAST-NN в выборке не обнаружен. По локусу GH гомозиготный генотип GH-AA встречается у 70 % овец, а гетерозиготы GH-AB и гомозиготы GH-BB – примерно по 15 %. Аналогичное распределение выявлено для гена GDF9, где GDF9-GG составляет 80 %, GDF9-AG – около 5 %, и GDF9-AA – 15 %. В отличие от вышеуказанных генов, по KAP1.3 наиболее часто встречаются гетерозиготы

KAP1.3-XY (40 %), а гомозиготы KAP1.3-XX и KAP1.3-YY составляют 25 % и 35 % соответственно. Отмеченное распределение свидетельствует о дефиците гетерозигот по генам CAST, GH и GDF9, что может быть следствием направленного отбора или узкого генофонда, и о повышенном уровне генетического разнообразия по локусу KAP1.3, потенциально важному для признаков продуктивности.

Нами был составлен подсчет частоты аллелей p и q для генов CAST, GH, GDF9 и KAP1.3 (рис. 2).

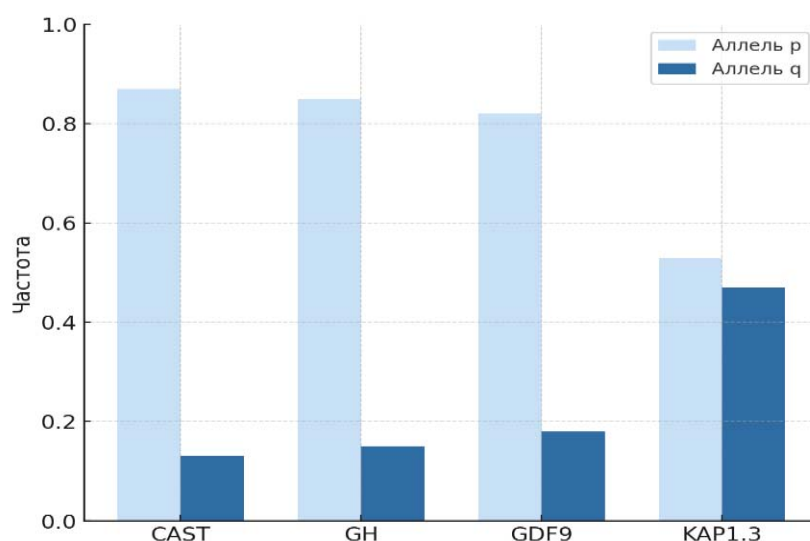


Рисунок 2. Частоты аллелей (p и q) для генов CAST, GH, GDF9 и KAP1.3

Figure 2. Allele frequencies (p and q) of CAST, GH, GDF9, and KAP1.3 genes

По трём локусам CAST, GH и GDF9 наблюдается выраженный перекоп аллельных частот в пользу аллеля p: CAST M = 0,87 (N = 0,13), GH A = 0,85 (B = 0,15), GDF9 G = 0,82 (A = 0,18). В противоположность им, по KAP1.3 частоты аллелей близки к равновесным (Y = 0,53; X = 0,47). Такая конфигурация аллельных частот объясняет выявленное ранее распределение генотипов и уровни гомо/гетерозиготности: у CAST, GH и GDF9 доминирование одного аллеля приводит к

преобладанию соответствующей гомозиготы и дефициту гетерозигот, тогда как у KAP1.3 почти паритетные частоты способствуют более высокому разнообразию генотипов и более высокой информативности маркера (PIC).

Мы рассчитали показатели гомозиготности (коэффициент CA) для каждого из исследованных генов (рис. 3).

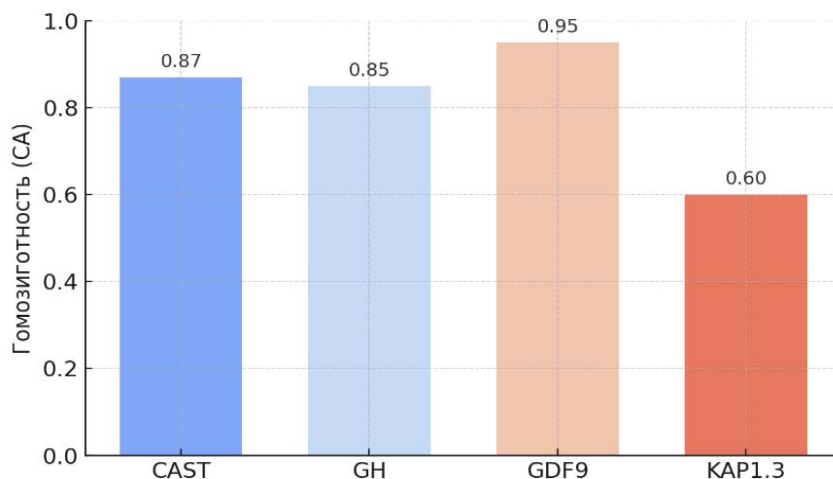


Рисунок 3. Уровни гомозиготности (CA) по изученным генам

Figure 3. Homozygosity levels (CA) across the genes studied

Анализ гомозиготности по исследуемым локусам показал выраженные межгенные различия. Максимальная доля гомозигот выявлена по гену GDF9 (CA = 0,95), что отражает крайне низкую долю гетерозигот и подтверждает узкую аллельную базу по этому локусу. Для генов CAST и GH значения гомозиготности также высоки (CA = 0,87 и 0,85 соответственно), указывая на преобладание гомозиготных генотипов и дефицит гетерозигот. В противоположность этому, по гену KAP1.3 зарегистрирована наименьшая гомозиготность (CA = 0,60), что

свидетельствует о сравнительно большем уровне генетического разнообразия и согласуется с более сбалансированным распределением генотипов в данном локусе. Такие различия по CA между локусами указывают на неодинаковую силу отбора (дрейфа) и различную историю формирования частот аллелей в анализируемой группе.

Представленные значения полиморфной информативности (PIC) для каждого гена (рис. 4), характеризуют способность маркера выявлять генетическое разнообразие.

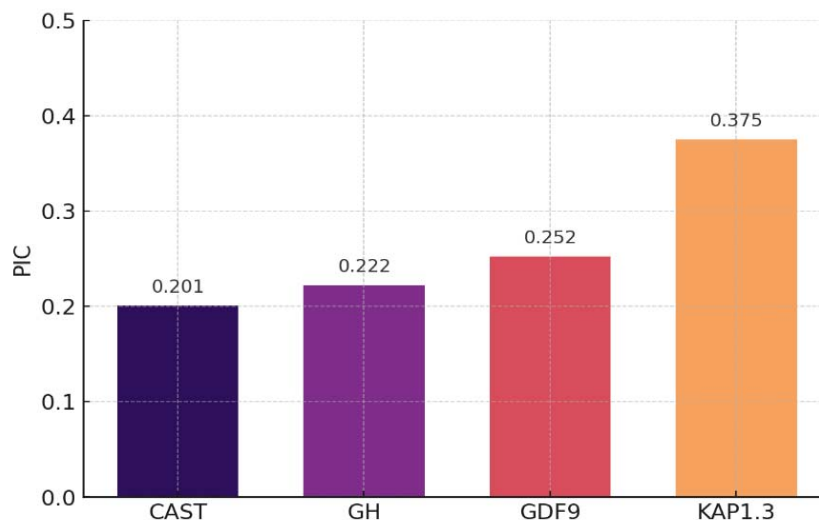


Рисунок 4. Полиморфическая информативность (PIC) для каждого гена

Figure 4. Polymorphic information content (PIC) for each gene

Результаты показывают резкий контраст между локусом KAP1.3 и остальными генами. Значения PIC по исследованным локусам варьировали от 0,201 до 0,375, демонстрируя различную информативность маркеров.

Минимальный PIC зарегистрирован по гену CAST (0,201), несколько выше значение у GH (0,222), а по GDF9 показатель достигал 0,252. Максимальная информативность отмечена у локуса KAP1.3

(PIC = 0,375). Согласно общепринятой интерпретации, значения PIC <0,25 характеризуются как низкая полиморфность, 0,25–0,50 – умеренная; следовательно, локусы CAST и GH относятся к низкополиморфным, GDF9 – к нижней границе умеренной полиморфности, тогда как KAP1.3 демонстрирует умеренный уровень информативности. Эти результаты согласуются с распределением генотипов и аллелей по соответствующим локусам и указывают на большую полезность KAP1.3 для мониторинга генетического разнообразия и маркерно-ориентированного отбора в данной выборке, тогда как CAST и GH обладают ограниченной селекционной информативностью.

Выявленные нами особенности генетического разнообразия генов GH, CAST, GDF9 и KAP1.3 у андийских овец в целом согласуются с данными других пород [11], однако имеют ряд важных особенностей. Гены GH, CAST и GDF9 продемонстрировали выраженный аллельный дисбаланс с доминированием одного из аллелей, что привело к высокой гомозиготности. Подобная картина характерна и для других пород овец. Например, у советского меринуса частота аллеля CASTM достигает 0,89, что сопоставимо с нашими данными (0,87). Аналогичные результаты получены для горно-алтайской, сальской и других пород мясного направления [12]. Такие закономерности обычно связывают с действием направленного отбора на мясные качества или с эффектом генетического дрейфа в небольших популяциях. По гену GH преобладание аллеля GHA (0,85) у андийских овец близко к результатам для дагестанской горной породы (0,87), что может свидетельствовать об общих селекционных и адаптивных процессах, влияющих на популяции в условиях высокогорья. Подобный аллельный дисбаланс по GH отмечен также у мясошерстных пород, где аллель GHA часто коррелирует с улучшенными ростовыми показателями. Однако практическое использование данного маркера для селекции в андийской породе ограничено низкой вариабельностью, хотя возможно умеренное повышение частоты редкого аллеля GHV посредством маркер-ориентированной селекции (MAS), если будет подтверждено его преимущество в продуктивности. Особенно значим полиморфизм гена GDF9, связанный с репродуктивной функцией. В нашей выборке андийских овец доминировал аллель GDF9G (0,82), что согласуется с результатами для других отечественных пород (например, кулундинская тонкорунная и западносибирская мясная). Это типично для пород без специализированного отбора на многоплодие. Возможно, редкий аллель GDF9A ассоциирован с повышенной овуляционной активностью, однако его низкая частота объясняется ограничением естественного отбора на многоплодие, особенно в условиях ограниченных кормовых ресурсов горных районов. В практическом плане MAS по GDF9 могла бы использоваться для сохранения и умеренного повышения частоты гетерозигот, что потенциально способно улучшить воспроизводительные характеристики без рисков бесплодия гомозиготных животных. В противоположность вышеупомянутым локусам, ген KAP1.3 у андийских овец показал относительно высокое генетическое разнообразие с почти равновесными аллельными частотами (0,47 и 0,53). Это необычно, поскольку во многих отечественных породах чаще

доминирует один из аллелей. Высокая полиморфная информативность KAP1.3 (PIC=0,375) свидетельствует о слабом или балансирующем отборе по шерстным признакам, что позволило сохранить значительное аллельное разнообразие. С точки зрения селекции это открывает перспективы для маркерной селекции по шерстным качествам (тонкости, прочности), поскольку высокая изменчивость предполагает хороший селекционный отклик при выборе желательных генотипов [13]. Причины наблюдаемых аллельных и генотипических особенностей, вероятно, связаны с совместным влиянием генетического дрейфа и направленного отбора. Аборигенные популяции, к которым относятся андийские овцы, часто формируются в условиях географической изоляции и малой численности, что способствует фиксации отдельных аллелей и утрате редких вариантов. Высокая гомозиготность по GH, CAST и GDF9 [14], вероятно, отражает действие именно таких процессов. Напротив, баланс аллелей по KAP1.3 [15] может объясняться либо отсутствием направленного отбора, либо преимуществом гетерозиготного состояния по признакам шерстной продуктивности.

Практическое значение полученных результатов заключается в том, что они позволяют оценить потенциал и ограничения использования изученных маркеров в программах селекции и MAS. Например, для генов GH и CAST низкая полиморфность указывает на ограниченные возможности селекции внутри породы и необходимость привлечения новых генетических ресурсов при желании существенно улучшить ростовые и мясные качества. Гены GDF9 и особенно KAP1.3, напротив, имеют достаточное аллельное разнообразие, чтобы служить эффективными маркерами в селекционных программах.

ВЫВОДЫ

Наши данные показывают, что локальная аборигенная порода овец Дагестана, несмотря на относительную изоляцию и ограниченную численность, сохраняет важные элементы генетического разнообразия, в том числе за счет выраженной вариабельности по локусу KAP1.3. По генам GH, CAST и GDF9, напротив, отмечено преобладание одного аллеля и высокая доля гомозиготных генотипов, что указывает на сужение аллельной базы и потенциальный риск дальнейшей потери генетических ресурсов при неосторожном использовании этих локусов в селекционных схемах.

Таким образом, полученные результаты уточняют представления о полиморфизме кандидатных генов у аборигенных овец и могут служить основой для научно обоснованных рекомендаций по сохранению генетического разнообразия и рациональному использованию данной породы в селекционной практике.

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

1. Hassanane M.S., Salem M.H., Abdel-Rahman S.Z. et al. Genetic diversity and structure of Egyptian sheep populations using microsatellite markers // *Small Ruminant Research*. 2015. V. 123. N 1. P. 102–109. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2014.11.009>
2. Kijas J.W., Lenstra J.A., Hayes B. et al. Genome-wide analysis of the world's sheep breeds reveals high levels of historic mixture and strong recent selection // *PLoS Biology*. 2012. V. 10. N 2. Article ID e1001258. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1001258>
3. Celik S., Avanus K., Yilmaz O. Association of polymorphisms in the GH gene with growth traits in sheep // *Indian Journal of Animal Research*.

2017. V. 51. N 2. P. 337–341.

4. Скорых Л.Н., Фомина И.О., Суржикова Е.С. и др. Полиморфизм генов гормона роста (GH) и кальпастатина (CAST) у мясошерстных овец // Главный зоотехник. 2020. N 7. С. 6–11. <https://doi.org/10.33920/sel-03-2007-01>
5. Синица В.А., Гришина А.В., Курбатова А.С. Генетическая характеристика тонкорунных пород овец по гену CAST // Вестник Алтайского государственного аграрного университета. 2018. N 11. С. 34–38.
6. Moghadaszadeh A., Mirhoseini S.Z., Mohammadabadi M. et al. Polymorphism of GDF9 and BMP15 genes and their association with litter size in sheep // Iranian Journal of Biotechnology. 2021. V. 19. N 4. Article ID: e2800. <https://doi.org/10.30498/IJB.2021.2800>
7. Gootwine E. Breed and strain differences in the efficiency of growth in sheep // Small Ruminant Research. 2020. V. 185. Article ID: 106088. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2020.106088>
8. Vega-Pla J.L., Sanz A., Jugo B.M. et al. Genetic relationships and admixture between sheep breeds from southern Spain and northern Morocco revealed by microsatellite markers // Small Ruminant Research. 2022. V. 215. Article ID: 106736. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2022.106736>
9. Sutarno S., Setiadi M.A., Sumantri C. et al. Polymorphism of calpastatin gene and its association with growth traits in local Indonesian sheep // Asian-Australasian Journal of Animal Sciences. 2016. V. 29. N 9. P. 1290–1296. <https://doi.org/10.5713/ajas.15.0965>
10. Оздемиров А.А., Чижова Л.Н., Хождиков А.А., Суржикова Е.С., Догеев Г.Д., Абдулмагомедов С.Ш. Полиморфизм генов CAST, GH, GDF9 овец дагестанской горной породы // Юг России: экология, развитие. 2021. T. 16. N 2. С. 39–44. <https://doi.org/10.18470/1992-1098-2021-2-39-44>
11. Notter D.R. Genetic aspects of reproduction in sheep // Reproduction in Domestic Animals. 2008. V. 43. N 2. P. 122–128. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0531.2008.01147.x>
12. Rashidi A., Mokhtari M.S., Esmailizadeh A.K. Genetic parameter estimates for growth traits in Kermani sheep // Small Ruminant Research. 2008. V. 74. N 2–3. P. 165–171. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2007.03.012>
13. Гаджиев З.К., Суржикова Е.С., Михайленко Т.Н., Евлагина Д.Д., Онищенко О.Н. Распределение частоты встречаемости аллелей гена кальпастатина у овец разных пород // Ветеринария и Зоотехния. 2023. N 5. С. 72–78. <https://doi.org/10.28983/asj.y2023i5pp72-78>
14. Miraei-Ashtiani S.R., Kohram H., Shahrabak M.M. Polymorphism in exon 5 of the ovine GDF9 gene and its association with reproductive traits // South African Journal of Animal Science. 2019. V. 49. N 1. P. 1–6. <https://doi.org/10.4314/sajas.v49i1.1>
15. Kharzinova V.R., Dotsev A.V., Sermyagin A.A. et al. Genetic diversity and population structure of Russian sheep breeds based on microsatellite analysis // Russian Journal of Genetics. 2021. V. 57. N 2. P. 231–242. <https://doi.org/10.1134/S1022795421020076>

REFERENCES

1. Hassanane M.S., Salem M.H., Abdel-Rahman S.Z. et al. Genetic diversity and structure of Egyptian sheep populations using microsatellite markers. *Small Ruminant Research*, 2015, vol. 123, no. 1, pp. 102–109. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2014.11.009>
2. Kijas J.W., Lenstra J.A., Hayes B. et al. Genome-wide analysis of the

- world's sheep breeds reveals high levels of historic mixture and strong recent selection. *PLoS Biology*, 2012, vol. 10, no. 2, article ID e1001258. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1001258>
3. Celik S., Avanus K., Yilmaz O. Association of polymorphisms in the GH gene with growth traits in sheep. *Indian Journal of Animal Research*, 2017, vol. 51, no. 2, pp. 337–341.
4. Skorih L.N., Fomina I.O., Surjikova E.S. et al. Polymorphism of genes of Growth Hormone (GH) and Calpastatin (CAST) in wool-and-meat producing sheep. *Head of Animal Breeding*, 2020, no. 7, pp. 6–11. (In Russian) <https://doi.org/10.33920/sel-03-2007-01>
5. Sinitsa V.A., Grishina A.V., Kurbatova A.S. Genetic characteristics of fine-wool sheep breeds by the CAST gene. *Vestnik Altaiskogo gosudarstvennogo agrarnogo universiteta* [Bulletin of the Altai State Agrarian University]. 2018, no. 11, pp. 34–38. (In Russian)
6. Moghadaszadeh A., Mirhoseini S.Z., Mohammadabadi M. et al. Polymorphism of GDF9 and BMP15 genes and their association with litter size in sheep. *Iranian Journal of Biotechnology*, 2021, vol. 19, no. 4, article ID: e2800. <https://doi.org/10.30498/IJB.2021.2800>
7. Gootwine E. Breed and strain differences in the efficiency of growth in sheep. *Small Ruminant Research*, 2020, vol. 185, article ID: 106088. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2020.106088>
8. Vega-Pla J.L., Sanz A., Jugo B.M. et al. Genetic relationships and admixture between sheep breeds from southern Spain and northern Morocco revealed by microsatellite markers. *Small Ruminant Research*, 2022, vol. 215, article ID: 106736. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2022.106736>
9. Sutarno S., Setiadi M.A., Sumantri C. et al. Polymorphism of calpastatin gene and its association with growth traits in local Indonesian sheep. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 2016, vol. 29, no. 9, pp. 1290–1296. <https://doi.org/10.5713/ajas.15.0965>
10. Ozdemirov A.A., Chizhova L.N., Khozhokov A.A., Surzhikova E.S., Dogeev G.D., Abdumagomedov S.Sh. Polymorphism of genes CAST, GH, GDF9 of sheep of the Dagestan mountain breed. *South of Russia: ecology, development*, 2021, vol. 16, no. 2, pp. 39–44. (In Russian) <https://doi.org/10.18470/1992-1098-2021-2-39-44>
11. Notter D.R. Genetic aspects of reproduction in sheep. *Reproduction in Domestic Animals*, 2008, vol. 43, no. 2, pp. 122–128. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0531.2008.01147.x>
12. Rashidi A., Mokhtari M.S., Esmailizadeh A.K. Genetic parameter estimates for growth traits in Kermani sheep. *Small Ruminant Research*, 2008, vol. 74, no. 2–3, pp. 165–171. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2007.03.012>
13. Gadzhiev Z.K., Surzhikova E.S., Mikhailenko T.N., Evlagina D.D., Onishchenko O.N. Distribution of the frequency of occurrence of alleles by the calpastatin gene in sheep of different breeds (review). *The Agrarian Scientific Journal*, 2023, no. 5, pp. 72–78. <https://doi.org/10.28983/asj.y2023i5pp72-78>
14. Miraei-Ashtiani S.R., Kohram H., Shahrabak M.M. Polymorphism in exon 5 of the ovine GDF9 gene and its association with reproductive traits. *South African Journal of Animal Science*, 2019, vol. 49, no. 1, pp. 1–6. <https://doi.org/10.4314/sajas.v49i1.1>
15. Kharzinova V.R., Dotsev A.V., Sermyagin A.A. et al. Genetic diversity and population structure of Russian sheep breeds based on microsatellite analysis. *Russian Journal of Genetics*, 2021, vol. 57, no. 2, pp. 231–242. <https://doi.org/10.1134/S1022795421020076>

AUTHOR CONTRIBUTIONS

Alimsoltan A. Ozdemirov and Abdusalam A. Khozhokov analysed the data. Indira S. Karaeva conducted statistical calculations and selection of bio-samples. All authors are equally participated in the writing of the manuscript and are responsible for plagiarism, self-plagiarism and other ethical transgressions.

NO CONFLICT OF INTEREST DECLARATION

The authors declare no conflict of interest.

ORCID

Индир С. Караева / Indira S. Karaeva <https://orcid.org/0009-0003-8713-2005>

Алимсолтан А. Оздемиров / Alimsoltan A. Ozdemirov <https://orcid.org/0000-0003-2150-2192>

Абдусалам А. Хождиков / Abdusalam A. Khozhokov <https://orcid.org/0000-0002-7303-0222>