

Животноводство и кормопроизводство. 2025. Т. 108. № 2. С. 74-86.
Animal Husbandry and Fodder Production. 2025. Vol. 108. No. 2. P. 74-86.

Научная статья
УДК 636.082.11
doi:10.33284/2658-3135-108-2-74

**Генетическая и фенотипическая характеристики бычков
герефордской и казахской белоголовой пород**

**Николай Павлович Герасимов¹, Бауыржан Кенесович Елемесов², Альбек Комарович Сангаков³,
Григорий Иванович Бельков⁴, Иван Михайлович Дунин⁵**

¹²³⁴Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий Российской академии наук, Оренбург, Россия

⁵Всероссийский научно-исследовательский институт племенного дела, Московская область,
Лесные Поляны, Россия

¹nick.gerasimov@rambler.ru, <https://orcid.org/0000-0003-2295-5150>

²elemesovb@inbox.ru

³sangakovak@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0005-9843-4572>

⁴orniish@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-1122-9228>

⁵vniiplem@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-4310-9551>

Аннотация. Полиморфизмы в генах применяются при разработке программ маркерной селекции, которая в комплексе с традиционным отбором по фенотипу повышает эффективность племенной работы в стадах за счет сокращения интервала между поколениями и ускорения генетического прогресса в мясном скотоводстве. Целью исследования являлись генетическая и фенотипическая характеристики бычков герефордской и казахской белоголовой пород разных генотипов по генам, ассоциируемым с количественными и качественными показателями мясной продуктивности. Работа проведена в ООО «Агрофирма Калининская» Челябинской и ООО «Омеко-труд» Оренбургской областей. Генотипирование подконтрольного поголовья по генам гормона роста (*GH*), диацилглицерол О-ацилтрансферазы 1 (*DGAT1*), 5'-нетранслируемой области тиреоглобулина (*TG5*), кальпастина (*CAST*), лептина (*LEP*), кальпаина 1 (*CAPN1*), стеарил-КоА-дегидрогеназы 1 (*SCD1*) и орфанного рецептора С, связанного с рецептором ретиноевой кислоты (*RORC*), проведено методом полимеразной цепной реакции – полиморфизма длин рестрикционных фрагментов (ПЦР-ПДРФ), для чего у бычков отбиралась цельная кровь. Оценка генофонда герефордской и казахской белоголовой пород по генам-маркерам мясной продуктивности и качества говядины свидетельствует о высокой гетерогенности стад как на внутри-, так и межпородном уровне. Значительная дистанция между популяциями выявлены по генетической структуре по генам *TG5*, *DGAT1*, *SCD1* и *LEP*, то есть факторам, ассоциируемым с жировым обменом. Из перечисленных лишь ген *DGAT1* достоверно ($P \leq 0,05-0,001$) определял изменчивость живой массы у герефордских бычков. Подтвержденное на двух породах значительное ($P \leq 0,05$) влияние на весовой рост молодняка оказывал полиморфизм гена *GH*, а *V*-аллель выделен в качестве предпочтительной для селекции.

Ключевые слова: бычки, герефордская порода, казахская белоголовая порода, генетическая структура, ген, аллель, живая масса

Благодарности: работа выполнена при поддержке Российского научного фонда, проект № 24-26-00264.

Для цитирования: Генетическая и фенотипическая характеристика бычков герефордской и казахской белоголовой пород / Н.П. Герасимов, Б.К. Елемесов, А.К. Сангаков, Г.И. Бельков, И.М. Дунин // Животноводство и кормопроизводство. 2025. Т. 108. № 2. С. . [Gerasimov NP, Elemesov BK, Sangakov AK, Belkov GI, Dunin IM. Genetic and phenotypic characteristics of Hereford and Kazakh White-Headed bulls. Animal Husbandry and Fodder Production. 2025;108(2):74-86. (In Russ.)]. <https://doi.org/10.33284/2658-3135-108-2-74>

Original article

Genetic and phenotypic characteristics of Hereford and Kazakh White-Headed bulls

**Nikolay P Gerasimov¹, Bauyrzhan K Elemesov², Al'bek K Sangakov³, Grigory I Belkov⁴,
Ivan M Dunin⁵**

^{1,2,3,4}Federal Research Centre of Biological Systems and Agrotechnologies of the Russian Academy of Sciences, Orenburg, Russia

⁵All-Russian Scientific Research Institute of Breeding, Moscow region, Lesnye Polyany, Russia

¹nick.gerasimov@rambler.ru, <https://orcid.org/0000-0003-2295-5150>

²elemesovb@inbox.ru

³sangakovak@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0005-9843-4572>

⁴orniish@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-1122-9228>

⁵vniiplem@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-4310-9551>

Abstract. Polymorphisms in genes are used in the development of marker-assisted selection programmes, which, in combination with traditional selection based on phenotype, increase the efficiency of breeding work in herds by reducing the generation interval and accelerating genetic progress in beef cattle breeding. The aim of the research was the genetic and phenotypic assessment of Hereford and Kazakh White-Headed bulls of different genotypes by genes associated with quantitative and qualitative indicators of meat productivity. The work was carried out in LLC Agrofirma Kalininskaya of the Chelyabinsk Region and LLC Omeko-trud of the Orenburg Region. The control animals were genotyped for growth hormone (*GH*), diacylglycerol O-acyltransferase 1 (*DGAT1*), 5'-untranslated region of thyroglobulin (*TG5*), calpastatin (*CAST*), leptin (*LEP*), calpain 1 (*CAPN1*), stearoyl-CoA desaturase 1 (*SCD1*), and retinoic acid C-receptor (*RORC*) genes by the polymerase chain reaction - restriction fragment length polymorphism (PCR-RFLP) method using whole blood. Evaluation of the gene pool of the Hereford and Kazakh White-Headed breeds by gene markers for meat productivity and beef quality indicates a high heterogeneity of the herds at both intra- and interbreed levels. Significant distances between populations were revealed by the genetic structure of *TG5*, *DGAT1*, *SCD1* and *LEP* genes, i.e., factors associated with lipid metabolism. Of these genes, only the *DGAT1* gene significantly ($P \leq 0.05-0.001$) determined the variability of live weight in Hereford bulls. The *GH* gene polymorphism was confirmed to have a significant ($P \leq 0.05$) effect on the weight gain of young animals in two breeds, and the *V* allele was identified as the preferred for selection.

Keywords: bulls, Hereford, Kazakh White-Headed breed, genetic structure, gene, allele, live weight

Acknowledgments: the work was supported by the Russian Science Foundation, Project No. 24-26-00264.

For citation: Gerasimov NP, Elemesov BK, Sangakov AK, Belkov GI, Dunin IM. Genetic and phenotypic characteristics of Hereford and Kazakh White-Headed bulls. *Animal Husbandry and Fodder Production*. 2025;108(2):74-86. (In Russ.). <https://doi.org/10.33284/2658-3135-108-2-74>

Введение.

Хозяйственно-полезные признаки сельскохозяйственных животных в значительной степени представляют собой комплекс фенотипов с непрерывной изменчивостью, которая определяется действием многочисленных полигенных факторов, расположенных в локусах количественных признаков (Селионова М.И. и Евстафьева Л.В., 2024). Прогнозирование потенциала продуктивности при селекции является одной из самых приоритетных и сложных задач в животноводстве (Ruchay AN et al., 2021; Сафронова А.А. и др., 2022). Ожидается, что углубление знаний о молекулярно-генетической организации сложных количественных признаков будет способствовать непосредственному установлению генетической ценности особей (Otto JR et al., 2022). Для реализации этой цели в животноводстве используются гены-маркеры, которые имеют связь с изменчивостью продуктивных качеств животных. Полиморфизмы в генах-маркерах применяются при разработке программ маркерной селекции, которая в комплексе с традиционным отбором по фенотипу повышает эффективность племенной работы в стадах за счет сокращения интервала между поколения-

ми и ускорения генетического прогресса (Otto JR et al., 2023). В настоящее время выявлено множество генов-маркеров, ассоциируемых с хозяйственно-полезными признаками у мясного скота.

В то же время генетическое разнообразие крупного рогатого скота, как и других видов сельскохозяйственных животных, стремительно сокращается (Gorlov I et al., 2017). Этому способствует организация племенной работы в стадах, базирующаяся на приоритетном использовании ограниченного количества высокопродуктивных пород из-за их конкурентных преимуществ перед другими по конкретным хозяйственно-полезным качествам. Кроме того, интенсивная селекция по совершенствованию признаков продуктивности вносит вклад в снижение генофонда породы.

Внутрипородная генетическая изменчивость имеет важное значение для адаптационной способности популяции к различным условиям разведения, а также играет положительную роль в микроэволюционном процессе (Кузнецов В.М., 2021). Поэтому ее изучение стало предметом интереса в животноводстве и имеет практическое применение для идентификации животных, проверки родства и выявления маркеров для прогноза продуктивного потенциала. В мясном скотоводстве нашли широкое применение генетические маркеры жирового обмена, в том числе гены 5'-нетранслируемой области тиреоглобулина (*TG5*), диацилглицерол О-ацилтрансферазы 1 (*DGAT1*), стеароил-КоА-десатуразы 1 (*SCD1*), орфанного рецептора С (*RORC*), лептина (*LEP*), кальпаин-кальпастатинового комплекса, в том числе гены кальпаина 1 (*CAPN1*) и кальпастина (*CAST*), а также соматотропной оси гена гормона роста (*GH*). Гены жирового обмена ассоциируются с формированием мраморности, особенностей жира накопления в туше и эффективности использования корма, полиморфизмы в генах *CAPN1* и *CAST* связаны с нежностью мяса при созревании, а скорость весового роста и масса туши определяются изменчивостью нуклеотидной последовательности гена *GH* (Колпаков В.И., 2020; Селионова М.И., 2023).

Цель исследования.

Провести генетическую и фенотипическую оценку бычков герефордской и казахской белоголовой пород разных генотипов по генам, ассоциируемым с количественными и качественными показателями мясной продуктивности.

Материалы и методы исследования.

Объект исследования. Бычки герефордской и казахской белоголовой пород. В качестве биосубстратов у контрольных животных была взята на анализ кровь.

Обслуживание животных и экспериментальные исследования были выполнены в соответствии с инструкциями и рекомендациями нормативных актов, включая: Модельный закон Межпарламентской Ассамблеи государств-участников Содружества Независимых Государств "Об обращении с животными", ст. 20 (постановление МА государств-участников СНГ № 29-17 от 31.10.2007 г.), и Руководство по работе с лабораторными животными (http://fncbst.ru/?page_id=3553). При проведении исследований были предприняты меры для обеспечения минимума страданий животных и уменьшения количества исследуемых опытных образцов.

Схема эксперимента. Исследования проведены в ООО «Агрофирма Калининская» Челябинской и ООО «Омеко-труд» Оренбургской областей. Рост и развитие бычков изучали путем взвешивания в одну и ту же дату каждого месяца до кормления.

Генотипирование по полиморфизмам генов *GH C2141G* (гормона роста), *CAPN1 C316G* (кальпаина 1), *TG5 C422T* (5'-нетранслируемой области тиреоглобулина), *CAST C282G* (кальпастина), *LEP C239T* (лептина), *DGAT1 K232A* (диацилглицерол О-ацилтрансферазы 1), *SCD1 T878C* (стеароил-КоА-десатуразы 1) и *RORC A3984G* (орфанного рецептора С) проводилось на основе ДНК, выделенной из крови с использованием реагентов D1Atom™ DNA Prep (IsoGeneLab, Москва). Для проведения полимеразной цепной реакции – полиморфизма длин рестрикционных фрагментов (ПЦР-ПДРФ) применялись наборы Gene Pak PCR Core (IsoGeneLab, Москва) на программируемом термоциклере «Терцик» (ДНК-технология, Россия). Для амплификации участков использовались праймеры (табл. 1), синтезированные в НПФ «Литех».

Таблица 1. Праймеры для амплификации полиморфизмов генов *GH, DGAT1, TG5, CAST, LEP, CAPN1, SCD1, RORC*

Table 1. Primers for amplification of *GH, DGAT1, TG5, CAST, LEP, CAPN1, SCD1, RORC* gene polymorphisms

Ген / <i>Gene</i>	Поли- морфизм / <i>Polymor- phism</i>	Последовательность праймера / <i>Primer sequence</i>	Ампликон, п.н. / <i>Am- plicon, bp</i>
Гормона роста / <i>Growth hormone</i>	<i>GH L127V</i>	F: 5'-GCTGCTCCTGAGGGCCCTTCG-3' R: 5'-GCGGCGGCACTTCATGACCCT-3'	208
Диацилглицерол О-ацилтрансфе- разы 1 / <i>Diacylglycerol O- acyltransferase 1</i>	<i>DGAT1 K232A</i>	F: 5'-GTTCTTCCTTGGTGGCTCAG-3' R: 5'-CTGTAGGGGAGCAGAACCAG-3'	411
5'-нетранслиру- емой области ти- реоглобулина / <i>5'-untranslated region of thyroglobulin</i>	<i>TG5 C422T</i>	F: 5'-GGGGATGACTACGAGTATGACTG-3' R: 5'-GTGAAAATCTTCTGGAGGCTGTA-3'	545
Кальпастатина / <i>Calpastatin</i>	<i>CAST C282G</i>	F: 5'-TGGGGCCCAATGACGCCATCGATG-3' R: 5'-GGTGGAGCAGCACTTCTGATCACC-3'	624
Лептина / <i>Leptin</i>	<i>LEP A80V</i>	F: 5'-GGGAAGGGCAGAAAGATAG-3' R: 5'-CCAAGCTCTCCAAGCTCTC-3'	458
Стеароил-КоА- десатуразы 1 / <i>Stearoyl-CoA desaturase 1</i>	<i>SCD1 T878C</i>	F: 5'-CCTAAGCAGCAGACCACTAG-3' R: 5'-TGGGCTCAACGTACCTG-3'	163
Орфанного ре- цептора C / <i>Retin- oic acid C-receptor</i>	<i>RORC A3984G</i>	F: 5'- AAGCCCACTGGGCAAGTAGAAGG - 3' R: 5'- GCAGGGAAGAGCATGTCAATTCATTC - 3'	249
Кальпаина 1 / <i>Calpain 1</i>	<i>CAPN1 C316G</i>	F: 5'-AGCAGCCCCACCATCAGAGAAA-3' R: 5'-TCAGCTGGTTTCGGCAGAT-3'	415

Примечание: F – прямой праймер, R – обратный праймер

Note: F – forward primer, R – reverse primer

ПЦР-программа включала следующие шаги: 1) для гена GH: «горячий старт» – 5 мин при +95 °C; 35 циклов: денатурация – 45 с при +94 °C, отжиг – 45 сек при +65 °C, синтез – 45 с при +72 °C; элонгация – 7 мин при +72 °C;

2) для гена TG5: «горячий старт» – 4 мин при +94 °C; 35 циклов: денатурация – 60 с при +94 °C, отжиг – 60 с при +62 °C, синтез – 60 с при +72 °C; элонгация – 4 мин при +72 °C.

3) для гена LEP: «горячий старт» – 5 мин при +95 °C; 30 циклов: +94 °C 30 с – денатурация; отжиг праймеров – 40 с при температуре +62 °C; синтез ДНК – +72 °C, 40 с; элонгация при +72 °C, 7 мин.

4) для гена CAST: «горячий старт» – 5 мин при +94 °C; 32 цикла: денатурация – 30 с при +94 °C, отжиг – 45 с при +62 °C, синтез – 45 с при +72 °C; элонгация – 5 мин при +72 °C.

5) для гена DGAT1: «горячий старт» – 15 мин при +95 °C; 35 циклов: денатурация – 60 с при +94 °C, отжиг – 60 с при +60 °C, синтез – 60 с при +72 °C; элонгация – 3 мин при +72 °C.

6) для гена SCD1: первоначальная денатурация — 1 мин при +94 °C; 35 циклов: денатурация — 30 с при +95 °C, отжиг — 30 с при +56 °C, синтез — 30 с при +72 °C; элонгация — 10 мин при +72 °C.

Для рестрикции амплифицированных участков генов использовали эндонуклеазы: *GH* – *AluI*, *TG5* – *BstX2I*, *LEP* – *Sau3AI*, *CAST* – *HhaI*, *DGAT1* – *CfrI*, *SCD1* – *FauI*, *RORC* – *HinfI*. Расщепление продуктов проводили при 37°C, генотипы идентифицировали методом гель-электрофорез с визуализацией под УФ-светом. Определение длины фрагментов проводили с помощью маркера молекулярных масс GenePakR DNA Ladder M 50 (IsoGene Lab, Москва).

Полиморфизм гена *CAPN1 C316G* диагностировали на анализаторе нуклеиновых кислот АНК-32, используя набор реагентов *CAPN1*-Детект, который предназначен для выявления бинарной SNP-мутации *C316G* в пробах ДНК методом ПЦР в реальном времени с использованием аллель-специфичных зондов (ООО «Синтол»). Программа амплификации гена кальпаина включала следующие шаги: 1-я ступень – 200 с при +95 °C – 1 цикл; 2-я ступень – 50 с при +62 °C – 50 циклов; 3-я ступень – 20 с при +95 °C – 50 циклов.

Оборудование и технические средства. Взвешивание молодняка производили на платформенных весах ВСП4-Ж (Россия). Исследования крови 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 (г. Оренбург) (<http://цкп-бст.рф>). Для генотипирования использовали пробирки с 600 мкл этилендиаминтетрауксусной кислоты (ЭДТА).

Статистическая обработка. Анализ данных проводили с применением программы «Excel» («Microsoft», США) и обработкой данных в «Statistica 10» («Stat Soft Inc.», США) по алгоритмам описательной статистики. Определение достоверности различий между групповыми средними проводили по критерию Фишера (F-критерий), при этом критический уровень значимости принимался $P \leq 0,05$.

Результаты исследования.

Несмотря на родственные связи герефордской и казахской белоголовой пород в генетической структуре между популяциями по частоте встречаемости генотипов отдельных изучаемых генов выявлены значительные различия (табл. 2).

Таблица 2. Генетическая характеристика бычков герефордской и казахской белоголовой пород по изученным генам

Table 2. Genetic characteristics of Hereford and Kazakh White-Headed bulls based on the studied genes

Ген, порода / <i>Gene, breed</i>	n	Частота встречаемости генотипа, % / <i>Genetic frequencies, %</i>			Частота встречаемости аллелей / <i>Allelic frequencies</i>		Различия между породами (P) / <i>Differences between breeds</i>
		CC	CT	TT	C	T	
TG5		2	3	4	5	6	7
Герефордская / <i>Hereford</i>	50	38,0	54,0	8,0	0,650	0,350	P=0,006
Казахская белоголовая / <i>Kazakh White-Headed</i>	57	50,9	47,4	1,7	0,746	0,254	
GH		LL	LV	VV	L	V	
Герефордская / <i>Hereford</i>	50	46,0	40,0	14,0	0,660	0,340	P=0,108
Казахская белоголовая / <i>Kazakh White-Headed</i>	57	52,6	40,4	7,0	0,728	0,272	
DGAT1		AA	AK	KK	A	K	
Герефордская / <i>Hereford</i>	50	36,0	38,0	26,0	0,550	0,450	P=0,0008
Казахская белоголовая / <i>Kazakh White-Headed</i>	57	24,6	33,3	42,1	0,412	0,588	

Продолжение таблицы 2

1	2	3	4	5	6	7	8
SCD1		CC	CT	TT	C	T	
Герефордская / <i>Hereford</i>	50	22,0	44,0	34,0	0,440	0,560	P=0,000
Казахская белоголовая / <i>Kazakh White-Headed</i>	57	45,6	36,8	17,6	0,640	0,360	
CAST		AA	AG	GG	A	G	
Герефордская / <i>Hereford</i>	50	80,0	16,0	4,0	0,880	0,120	P=0,061
Казахская белоголовая / <i>Kazakh White-Headed</i>	57	87,7	12,3	0,0	0,939	0,061	
LEP		AA	AV	VV	A	V	
Герефордская / <i>Hereford</i>	50	42,0	30,0	28,0	0,570	0,430	P=0,0014
Казахская белоголовая / <i>Kazakh White-Headed</i>	57	57,9	28,1	14,0	0,719	0,281	
RORC		AA	AG	GG	A	G	
Герефордская / <i>Hereford</i>	50	76,0	18,0	6,0	0,850	0,150	P=0,701
Казахская белоголовая / <i>Kazakh White-Headed</i>	57	73,7	21,1	5,2	0,842	0,158	
CAPN1		GG	CG	CC	G	C	
Герефордская / <i>Hereford</i>	50	84,0	16,0	0,0	0,920	0,080	P=0,325
Казахская белоголовая / <i>Kazakh White-Headed</i>	57	89,5	10,5	0,0	0,947	0,053	

Так, по гену *TG5* общей тенденцией для двух групп бычков была минимальная доля носителей ТТ-генотипа, однако у герефордов их количество превышало показатель аналогов на 6,3 % ($P \leq 0,01$). Наибольшая частота встречаемости (54,0 %) в герефордской породе зафиксирована у гетерозиготного варианта гена *TG5*. Тогда как среди казахского белоголового молодняка наивысшей была доля (50,9 %) СС-особей. Таким образом, в изучаемых группах животных наблюдался противоположный ранг распределения СС и СТ генотипов. Однако по встречаемости аллелей обе группы были довольно близки. Доминирующим в гене *TG5* являлся С-аллель, встречаемость которого в породах варьировала 0,650-0,746, при максимальном показателе у казахских белоголовых бычков. По частоте минорного Т-аллеля превосходство на 0,096 было на стороне герефордов.

Более значительные ($P \leq 0,001$) межпородные различия зафиксированы по полиморфизму гена *DGAT1*. Минимальная доля носителей установлена у альтернативных гомозиготных генотипов: КК с частотой 26,0 % у герефордов и АА (24,6 %) – у казахской белоголовой породы. Наивысшая встречаемость (38,0 %) в герефордской группе наблюдалась у носителей гетерозигот, тогда как у аналогов большее (42,1 %) распространение получили КК-особи. Несмотря на близкое к равному распределение альтернативных аллелей в анализируемых стадах, их ранг различался между группами. Минорный К-аллель у герефордов встречался с частотой 0,450, а у их аналогов минорный А-аллель – с частотой 0,412.

Генетическая структура популяций по полиморфизму гена *SCD1* характеризовалась схожей межпородной изменчивостью. Минимальная доля (17,6 %) носителей ТТ-генотипов среди казахских белоголовых бычков уступала таковым среди аналогов на 16,4 % ($P \leq 0,001$). В то время как наименьшее количество (22,0 %) особей СС-варианта гена у герефордов была ниже соответствующего показателя в группе отечественной породы на 23,6 %. Также в генотипированных выборках животных наблюдался противоположный ранг распределения альтернативных аллелей. По частоте (0,640) доминирующего С-аллеля у казахских белоголовых бычков превосходство составляло 0,200 над соответствующим показателем аналогов. Среди герефордов доминировал Т-аллель с встречае-

мостью 0,560, что превышало концентрацию этого аллеля у представителей казахской белоголовой породы на 0,200.

Частота генотипов и аллелей по гену *LEP* также значительно ($P \leq 0,01$) различалась между изучаемыми популяциями, хотя их ранг распределения имел схожую тенденцию в разрезе пород. VV-генотип минимально встречался (14,0-28,0 %) в обеих группах молодняка, однако доля носителей этого варианта гена у герефордов была выше на 14,0 %. По наличию особей наиболее распространенного AA-генотипа поголовье казахской белоголовой породы превосходило аналогов на 15,9 %. Распределение промежуточного гетерозиготного варианта гена существенно не различалось и варьировало в пределах 28,1-30,0 %. Частота доминирующего А-аллеля колебалась в диапазоне 0,570-0,719 при наивысшем показателе у казахского белоголового молодняка, минорный V-аллель изменялся в интервале 0,281-0,430 с преимуществом герефордского поголовья.

Межпородные различия генетической структуры по оставшимся четырем генам *GH*, *CAST*, *CAPN1* и *RORC* не достигали статистической значимости. Причем по генам *CAST*, *CAPN1* и *RORC* причиной этого являлась невысокая частота встречаемости минорного аллеля. Так, G-аллель гена *CAST* варьировал в пределах 0,061-0,120, С-аллель у *CAPN1* – 0,053-0,080, G-аллель у *RORC* – 0,150-0,158. Следует отметить отсутствие в изучаемых выборках носителей СС-гомозигот по гену *CAPN1*, а также среди поголовья казахской белоголовой породы не выявлено носителей GG-варианта гена *CAST*.

Полиморфизмы изучаемых генов неодинаково влияли на вариабельность живой массы молодняка (табл. 3).

Таблица 3. Живая масса бычков герефордской и казахской белоголовой пород разных генотипов в 15-месячном возрасте ($X \pm Sx$), кг
Table 3. Live weight of Hereford and Kazakh White-Headed bulls of various genotypes at 15 month of age ($X \pm Sx$), kg

Ген, порода / <i>Gene, breed</i>	Живая масса в 15 мес., кг / Live weight at 15 month of age, kg		
<i>TG5</i>	CC	CT	TT
1	2	3	4
Герефордская / <i>Hereford</i>	441,8 $\pm$ 5,81	447,7 $\pm$ 3,39	459,0 $\pm$ 7,56
Казахская белоголовая / <i>Kazakh White-Headed</i>	428,5 $\pm$ 3,06	429,1 $\pm$ 3,81	457,0
<i>GH</i>	LL	LV	VV
Герефордская / <i>Hereford</i>	438,8 $\pm$ 4,18 ^a	450,2 $\pm$ 3,75	460,3 $\pm$ 10,04 ^a
Казахская белоголовая / <i>Kazakh White-Headed</i>	426,5 $\pm$ 3,20 ^a	429,4 $\pm$ 3,88 ^a	449,2 $\pm$ 4,78 ^a
<i>DGAT1</i>	AA	AK	KK
Герефордская / <i>Hereford</i>	459,2 $\pm$ 4,17 ^{ab}	435,4 $\pm$ 4,21 ^b	444,7 $\pm$ 5,52 ^a
Казахская белоголовая / <i>Kazakh White-Headed</i>	430,5 $\pm$ 5,51	432,5 $\pm$ 4,29	426,1 $\pm$ 3,38
<i>SCD1</i>	CC	CT	TT
Герефордская / <i>Hereford</i>	447,6 $\pm$ 6,25	446,3 $\pm$ 4,22	445,6 $\pm$ 5,70
Казахская белоголовая / <i>Kazakh White-Headed</i>	426,7 $\pm$ 3,66	428,3 $\pm$ 4,22	438,2 $\pm$ 3,96
<i>CAST</i>	AA	AG	GG
Герефордская / <i>Hereford</i>	445,9 $\pm$ 3,04	449,2 $\pm$ 11,00	444,0 $\pm$ 8,00
Казахская белоголовая / <i>Kazakh White-Headed</i>	429,5 $\pm$ 2,56	427,7 $\pm$ 7,78	-

Продолжение таблицы 3

1	2	3	4
<i>LEP</i>	AA	AV	VV
Герефордская / <i>Hereford</i>	444,6±5,67	441,2±4,25	454,6±3,81
Казахская белоголовая / <i>Kazakh White-Headed</i>	427,2±3,07	432,0±5,16	432,7±5,81
<i>RORC</i>	AA	AG	GG
Герефордская / <i>Hereford</i>	443,3±3,20	453,0±5,49	465,0±22,50
Казахская белоголовая / <i>Kazakh White-Headed</i>	427,7±2,58	431,2±6,76	444,3±6,57
<i>CAPN1</i>	GG	CG	CC
Герефордская / <i>Hereford</i>	445,8±3,37	449,5±5,55	-
Казахская белоголовая / <i>Kazakh White-Headed</i>	429,2±2,54	429,8±8,42	-

Примечание: значения с одинаковыми индексами в строке различаются при ^a – $P \leq 0,05$; ^b – $P \leq 0,001$

Note: values with the same indices in the row differ at ^a – $P \leq 0,05$; ^b – $P \leq 0,001$

Значительные внутрипородные различия по весовому росту герефордских и казахских белоголовых бычков установлены во взаимосвязи с генотипом по гену *GH*. Предпочтительным генотипом как в первом, так и во втором случае являлся GH^{VV} . Различия между альтернативными гомозиготными герефордами составляли 21,5 кг (4,90 %; $P \leq 0,05$). В казахской белоголовой группе отмечалось превосходство VV-генотипа относительно гетерозигот на 19,8 кг (4,61 %; $P \leq 0,05$) и LL-гомозиготными особями – на 22,7 кг (5,32 %; $P \leq 0,05$).

Генетическая дифференциация герефордов по гену *DGAT1* также детерминировала значительные различия по живой массе. Так носители AA-генотипа превосходили сверстников на 14,5-23,8 кг (3,26-5,47 %; $P \leq 0,05-0,001$). При этом гетерозиготные особи отличались минимальной выраженностью признака. Хотя на поголовье казахской белоголовой породы данная закономерность не подтвердилась.

По гену *RORC* отмечалась тенденция превосходства GG-генотипа относительно альтернативных гомозиготных особей в двух породах. Так, по герефордам различия составляли 21,7 кг (4,90 %; $P=0,08$), а по казахским белоголовым бычкам – 16,6 кг (3,88 %; $P=0,13$).

Среди поголовья казахской белоголовой породы отмечалась тенденция превосходства *SCD1^{TT}* генотипа относительно сверстников с CC-вариантом гена на 11,5 кг (2,70 %; $P=0,09$) и гетерозиготными особями – на 9,9 кг (2,31 %; $P=0,16$). У герефордских бычков ассоциация гена *SCD1* с весовым ростом не отмечалась.

Разница на уровне тенденции отмечалась у герефордов между генотипами TT и CC по гену *TG5*, которая составляла 17,2 кг (3,89 %; $P=0,14$). Кроме того, фиксировалось преимущество VV-особей по гену *LEP* относительно AA-варианта на 10,0 кг (2,25 %; $P=0,16$) и гетерозиготными AV бычками на 13,4 кг (3,04 %; $P=0,09$). В казахской белоголовой группе ранг распределения молодняка по живой массе как по *TG5*, так и по *LEP* был аналогичен герефордам, хотя и не достигал статистически достоверной разницы.

Обсуждение полученных результатов.

Для внедрения в практику племенной работы с мясными породами скота маркер-ориентированной селекции необходимо оценить генетическую структуру стад по генам, ассоциируемым с количественными и качественными показателями продуктивности (Абдулхаликов Р.З. и др., 2024). Изучение изменчивости генофонда, а также поиск наиболее достоверной связи полиморфизмов генов с фенотипом имеет важное значение для повышения интенсивности отбора перспективных животных и ускорения прогресса продуктивного потенциала племенных стад (Конова-

лова Е.Н. и др., 2024). В связи с этим в наших исследованиях проведены генетическая и фенотипическая оценки бычков герефордской и казахской белоголовой пород разных генотипов. В мясном скотоводстве широкое прикладное использование получила селекция, основанная на изменчивости в нуклеотидной последовательности генов *GH*, *DGAT1*, *TG5*, *CAST*, *LEP*, *CAPN 1*, *SCD1* и *RORC*, которые имеют связь с весовым ростом, массой туши, особенностями жирового обмена, посмертным формированием нежности говядины (Колпаков В.И., 2020; Селионова М.И. и др., 2023).

Несмотря на родственное происхождение герефордского и казахского белоголового скота, их генетическая структура имела межпородные различия. Наши данные согласуются с результатами исследований Gorlov IF с коллегами (2017) и Лазебной И.В. с коллегами (2022), которые привели результаты генотипирования абердин-ангусской и русской комолой пород, также имеющих кровную связь друг с другом. В частности, частота генотипа *RORC^{AA}* у абердин-ангусской породы была значительно ниже на 14,1 % по сравнению с русской комолой породой, тогда как по гену *GH* существенных межпородных различий не установлено. В наших исследованиях частота минорного G-аллеля гена *RORC* уступала на 0,067-0,147 его встречаемости в популяциях абердин-ангусской и русской комолой пород, в то время как V-аллеля гена *GH* превосходила на 0,080-0,154, что гарантирует эффективную селекционную работу в подконтрольных стадах по гену гормона роста.

Высокая внутривидовая и межпородная изменчивость выявлена по гену *SCD1*, при этом частота T-аллеля варьировала в пределах 0,36-0,56. В исследованиях Позовниковой М.В. с коллегами (2017) частота доминирующего C-аллеля в популяции айширской породы составляла 0,858, а гомозиготного CC-генотипа – 0,731. Генотипирование коров голштинизированной черно-пестрой породы, проведенное Зариповым О.Г. (2023), показало сходные результаты по встречаемости альтернативных ($P_1=0,17$ и $P_C=0,83$) аллелей. Наши данные существенно отличаются от этих показателей. Однако схожая генетическая структура по гену *SCD1* получена в исследованиях Safina NYu с коллегами (2018) с распределением аллелей C – 0,61 и T – 0,39.

В результате генотипирования герефордской и лимузинской пород выявлено сходное распределение генотипов (KK>KA>AA) и аллелей (K>A) по гену *DGAT1* (Sedykh TA et al., 2023). В исследованиях Третьяковой Р.Ф. и Каюмова Ф.Г. (2024) большая часть калмыцких животных являлась носителями KK-генотипа (43,39 %), меньшая – AA (17,32 %), а встречаемость K-аллеля оказалась выше на 26 %. Результаты нашей работы лишь частично совпадают с представленными данными, а именно по структуре генофонда казахской белоголовой породы, тогда как у герефордской породы частота A-аллеля была выше, что согласуется с исследованиями Тарасовой Е.И. с коллегами (2024).

Заключение.

Оценка генофонда герефордской и казахской белоголовой пород по генам-маркерам мясной продуктивности и качества говядины свидетельствует о высокой гетерогенности стад как на внутри-, так и межпородном уровне. Значительная дистанция между популяциями выявлена по генетической структуре по генам *TG5*, *DGAT1*, *SCD1* и *LEP*, то есть факторам, ассоциируемым с жировым обменом. По всей видимости, это обусловлено различным направлением селекции и целевыми параметрами отбора по адаптации к особенностям технологии производства говядины. Из перечисленных лишь ген *DGAT1* достоверно ($P\leq 0,05-0,001$) определял изменчивость живой массы у герефордских бычков. Подтвержденное на двух породах значительное ($P\leq 0,05$) влияние на весовой рост молодняка оказывал полиморфизм гена *GH*, а V-аллель выделен в качестве предпочтительного для селекции.

Список источников

1. Зарипов О.Г. Влияние полиморфизмов генов *SCD1* (стерол-КоА десатураза) и *AGPAT6* (1-ацилглицерин-3-фосфат-о-ацилтрансфераза) на содержание и жирнокислотный состав молочного жира у коров голштинизированной черно-пестрой породы // Международный научно-

исследовательский журнал. 2023. № 11(137). [Zaripov OG. Influence of *SCD1* (sterol-CoA desaturase) and *AGPAT6* (1-acylglycerol-3-phosphate-o-acyltransferase) genes polymorphisms on content and fat composition of milk fat in Holsteinized Black-and-White cows. International Research Journal. 2024;11(137). (In Russ.)]. doi: 10.23670/IRJ.2023.137.148

2. Колпаков В.И. Влияние некоторых полиморфных генов на мясную продуктивность и качество мяса у крупного рогатого скота (обзор) // Животноводство и кормопроизводство. 2020. Т. 103. № 4. С. 47-64. [Kolpakov VI. Influence of some polymorphic genes on meat productivity and meat quality of cattle (review). Animal Husbandry and Fodder Production. 2020;103(4):47-64. (In Russ.)]. doi: 10.33284/2658-3135-103-4-47

3. Кузнецов В.М. Оценка генетической дифференциации популяций молекулярным дисперсионным анализом (аналитический обзор) // Аграрная наука Евро-Северо-Востока. 2021. Т. 22. № 2. С. 167-187. [Kuznetsov VM. Assessment of genetic differentiation of populations by analysis of molecular variance (analytical review). Agricultural Science Euro-North-East. 2021;22(2):167-187. (In Russ.)]. doi: 10.30766/2072-9081.2021.22.2.167-187

4. Лазебная И.В., Перчун А.В., Лазебный О.Е. Внутрипородная дифференциация аборигенной костромской породы крупного рогатого скота на основе SNP-маркеров мясной продуктивности // Успехи современной биологии. 2022. Т. 142. № 5. С. 463-476. [Lazebnaya IV, Perchun AV, Lazebny OE. Inbreed differentiation of the native Kostroma cattle breed based on SNP-markers of meat productivity. Biology Bulletin Reviews. 2022;142(5):463-476. (In Russ.)]. doi: 10.31857/S0042132422050088

5. Маркер-ассоциированная и геномная селекция мясного скота / М.И. Селионова, Л.В. Евстафьева, Е.Н. Коновалова, Е.В. Белая // Тимирязевский биологический журнал. 2023. № 2. С. 37-48. [Selionova MI, Evstafyeva LV, Konovalova EN, Belaya EV. Marker-assisted and genomic selection of beef cattle. Timiryazev Biological Journal. 2023;2:37-48. (In Russ.)]. doi: 10.26897/2949-4710-2023-2-37-48

6. Полиморфизм генов *FASN* и *DGAT1* у мясного скота и их связь с параметрами фенотипа / Р.З. Абдулхаликов, М.М. Шахмурзов, Т.Т. Тарчоков, А.Ф. Шевхужев, К.Г. Магомедов // Аграрный научный журнал. 2024. № 8. С. 61-66. [Abdulkhalikov RZ, Shakhmurzov MM, Tarchokov TT, Shevkhuzhev AF, Magomedov KG. Polymorphism of *FASN* and *DGAT1* genes in beef cattle and their relationship with phenotype parameters. Agrarian Scientific Journal. 2024;8:61-66. (In Russ.)]. doi: 10.28983/asj.y2024i8pp61-66

7. Сафронова А.А., Джуламанов К.М., Сурундаева Л.Г. Генетическая оценка бычков по собственной продуктивности // Животноводство и кормопроизводство. 2022. Т. 105. № 4. С. 71-78. [Safronova AA, Dzhulamanov KM, Surundaeva LG. Genetic assessment of bulls by their productivity. Animal Husbandry and Fodder Production. 2022;105(4):71-78. (In Russ.)]. doi: 10.33284/2658-3135-105-4-71

8. Связь полиморфизмов генов лептина и кальпаина-1 с эффективностью откорма и убойными качествами крупного рогатого скота мясных пород / Е.Н. Коновалова, Л.В. Евстафьева, М.И. Селионова, О.С. Романенкова, Е.А. Гладырь // Молочное и мясное скотоводство. 2024. № 2. С. 31-35. [Konovalova EN, Evstafyeva LV, Selionova MI, Romanenkova OS, Gladyr EA. The relationship of leptin and kalpain-1 genes polymorphisms with fattening efficiency and slaughter traits of beef cattle. Journal of Dairy and Beef Cattle Breeding. 2024;2:31-35. (In Russ.)]. doi: 10.33943/MMS.2024.91.72.007

9. Связь полиморфных вариантов гена Стеароил-КоА-Десатураза (*SCD1*) с хозяйственно ценными признаками в российской популяции коров айрширской породы / М.В. Позовникова, Г.Н. Сердюк, О.В. Тулинова и др. // Сельскохозяйственная биология. 2017. Т. 52. № 6. С. 1139-1147. [Pozovnikova MV, Serdyuk GN, Tulinova OV, Terletskiy VP, Dementeva NV, Mitrofanova OV. Association of polymorphic types of Stearoyl-CoA desaturase gene (*SCD1*) with economically valuable traits in Russian population of Ayrshire cows. Sel'skokhozyaistvennaya biologiya [Agricultural Biology]. 2017;52(6):1139-1147. (In Russ.)]. doi: 10.15389/agrobiology.2017.6.1139rus doi: 10.15389/agrobiology.2017.6.1139eng

10. Селионова М.И., Евстафьева Л.В. Влияние полиморфизма в гене лептина на качество говядины у бычков абердин ангусской породы // Молочное и мясное скотоводство. 2024. № 5. С. 13-18. [Selionova MI, Evstafyeva LV. The influence of leptin gene polymorphism on beef quality

ty in Aberdeen Angus bulls. Journal of Dairy and Beef Cattle Breeding. 2024;5:13-18. (In Russ.]. doi: 10.33943/MMS.2024.30.56.003

11. Тарасова Е.И., Полякова В.С., Сизова Е.А. Связь полиморфизма гена *DGAT1* с элементарным составом биосубстратов и продуктивностью коров чёрно-пёстрой породы Ленинградской, Вологодской и Оренбургской областей // Животноводство и кормопроизводство. 2024. Т. 107. № 3. С. 8-24. [Tarasova EI, Polyakova VS, Sizova EA. Association of *DGAT1* gene polymorphism with the elemental composition of biosubstrates and productivity of Black-and-White cows in the Leningrad, Vologda, and Orenburg regions. Animal Husbandry and Fodder Production. 2024;107(3):8-24. (In Russ.]. doi: 10.33284/2658-3135-107-3-8

12. Третьякова Р.Ф., Каюмов Ф.Г. Влияние полиморфизма гена *DGAT1* на продуктивность мясного скота калмыцкой породы // Молочное и мясное скотоводство. 2024. № 3. С. 16-19. [Tretyakova RF, Kayumov FG. The effect of *DGAT1* gene polymorphism on the productivity of Kalmyk beef cattle. Journal of Dairy and Beef Cattle Breeding. 2024;3:16-19. (In Russ.]. doi: 10.33943/MMS.2024.55.52.004

13. Gorlov I, Sulimova G, Perchun A, et al. Genetic polymorphism of the *RORC*, *bGH*, *bGHR*, *LEP*, *LEPR* genes in Russian hornless cattle breed. Engineering for Rural Development. 2017;16:201-206. doi: 10.22616/ERDev2017.16.N038

14. Otto JR, Mwangi FW, Pewan SB, Adegboye OA, Malau-Aduli AEO. Lipogenic gene single nucleotide polymorphic DNA markers associated with intramuscular fat, fat melting point, and health-beneficial Omega-3 long-chain polyunsaturated fatty acids in australian pasture-based bowen genetics forest pastoral angus, hereford, and wagyu beef cattle. Genes (Basel). 2022;13(8):1411. doi: 10.3390/genes13081411

15. Otto JR, Pewan SB, Edmunds RC, Mwangi FW, Kinobe RT, Adegboye OA, Malau-Aduli AEO. Differential expressions of *FASN*, *SCD*, and *FABP4* genes in the ribeye muscle of omega-3 oil-supplemented Tattykeel Australian White lambs. BMC Genomics. 2023;24(1):666. doi: 10.1186/s12864-023-09771-x

16. Ruchay AN, Kolpakov VI, Kalschikov VV, Dzhulamanov KM, Dorofeev KA. Predicting the body weight of Hereford cows using machine learning. IOP Conference Series: Earth and Environmental Science. 2021;624:012056. doi: 10.1088/1755-1315/624/1/012056

17. Safina NYu, Shakirov ShK, Zinnatova FF, Fattakhova ZF, Gaynutdinova ER, Shakhmetova LN. Dynamics of dairy production of heifers of different genotypes of stearoylcoa desaturase (*SCD1*). Research Journal of Pharmaceutical, Biological and Chemical Sciences. 2018;9(6):2028-2031.

18. Sedykh TA, Kalashnikova LA, Dolmatova IYu, Gizatullin RS, Kosilov VI. Developing meat productivity in bull calves of different *DGAT1* genotypes. Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture. 2023;15(3):155-174. doi: 10.12731/2658-6649-2023-15-3-155-174

References

1. Zaripov OG. Influence of *SCD1* (sterol-CoA desaturase) and *AGPAT6* (1-acylglycerol-3-phosphate-o-acyltransferase) genes polymorphisms on content and fat composition of milk fat in Holsteinized Black-and-White cows. International Research Journal. 2024;11(137). doi: 10.23670/IRJ.2023.137.148

2. Kolpakov VI. Influence of some polymorphic genes on meat productivity and meat quality of cattle (review). Animal Husbandry and Fodder Production. 2020;103(4):47-64. doi: 10.33284/2658-3135-103-4-47

3. Kuznetsov VM. Assessment of genetic differentiation of populations by analysis of molecular variance (analytical review). Agricultural Science Euro-North-East. 2021;22(2):167-187. doi: 10.30766/2072-9081.2021.22.2.167-187

4. Lazebnaya IV, Perchun AV, Lazebny OE. Intrabreed differentiation of the native Kostroma cattle breed based on SNP-markers of meat productivity. Biology Bulletin Reviews. 2022;142(5):463-476. doi: 10.31857/S0042132422050088

5. Selionova MI, Evstafeva LV, Konovalova EN, Belaya EV. Marker-assisted and genomic selection of beef cattle. *Timiryazev Biological Journal*. 2023;2:37-48. doi: 10.26897/2949-4710-2023-2-37-48
6. Abdulkhalikov RZ, Shakhmurzov MM, Tarchokov TT, Shevkhuzhev AF, Magomedov KG. Polymorphism of *FASN* and *DGATI* genes in beef cattle and their relationship with phenotype parameters. *Agrarian Scientific Journal*. 2024;8:61-66. doi: 10.28983/asj.y2024i8pp61-66
7. Safronova AA, Dzhulamanov KM, Surundaeva LG. Genetic assessment of bulls by their productivity. *Animal Husbandry and Fodder Production*. 2022;105(4):71-78. doi: 10.33284/2658-3135-105-4-71
8. Konovalova EN, Evstafeva LV, Selionova MI, Romanenkova OS, Gladyr EA. The relationship of leptin and kalpain-1 genes polymorphisms with fattening efficiency and slaughter traits of beef cattle. *Journal of Dairy and Beef Cattle Breeding*. 2024;2:31-35. doi: 10.33943/MMS.2024.91.72.007
9. Pozovnikova MV, Serdyuk GN, Tulinova OV, Terletskiy VP, Dementeva NV, Mitrofanova OV. Association of polymorphic types of Stearoyl-CoA desaturase gene (*SCD1*) with economically valuable traits in Russian population of Ayrshire cows. *Sel'skokhozyaistvennaya biologiya [Agricultural Biology]*. 2017;52(6):1139-1147. doi: 10.15389/agrobiolgy.2017.6.1139eng
10. Selionova MI, Evstafyeva LV. The influence of leptin gene polymorphism on beef quality in Aberdeen Angus bulls. *Journal of Dairy and Beef Cattle Breeding*. 2024;5:13-18. doi: 10.33943/MMS.2024.30.56.003
11. Tarasova EI, Polyakova VS, Sizova EA. Association of *DGATI* gene polymorphism with the elemental composition of biosubstrates and productivity of Black-and-White cows in the Leningrad, Vologda, and Orenburg regions. *Animal Husbandry and Fodder Production*. 2024;107(3):8-24. doi: 10.33284/2658-3135-107-3-8
12. Tretyakova RF, Kayumov FG. The effect of *DGATI* gene polymorphism on the productivity of Kalmyk beef cattle. *Journal of Dairy and Beef Cattle Breeding*. 2024;3:16-19. doi: 10.33943/MMS.2024.55.52.004
13. Gorlov I, Sulimova G, Perchun A, et al. Genetic polymorphism of the *RORC*, *bGH*, *bGHR*, *LEP*, *LEPR* genes in Russian hornless cattle breed. *Engineering for Rural Development*. 2017;16:201-206. doi: 10.22616/ERDev2017.16.N038
14. Otto JR, Mwangi FW, Pewan SB, Adegboye OA, Malau-Aduli AEO. Lipogenic gene single nucleotide polymorphic DNA markers associated with intramuscular fat, fat melting point, and health-beneficial Omega-3 long-chain polyunsaturated fatty acids in australian pasture-based bowen genetics forest pastoral angus, hereford, and wagyu beef cattle. *Genes (Basel)*. 2022;13(8):1411. doi: 10.3390/genes13081411
15. Otto JR, Pewan SB, Edmunds RC, Mwangi FW, Kinobe RT, Adegboye OA, Malau-Aduli AEO. Differential expressions of *FASN*, *SCD*, and *FABP4* genes in the ribeye muscle of omega-3 oil-supplemented Tattykeel Australian White lambs. *BMC Genomics*. 2023;24(1):666. doi: 10.1186/s12864-023-09771-x
16. Ruchay AN, Kolpakov VI, Kalschikov VV, Dzhulamanov KM, Dorofeev KA. Predicting the body weight of Hereford cows using machine learning. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*. 2021;624:012056. doi: 10.1088/1755-1315/624/1/012056
17. Safina NYu, Shakirov ShK, Zinnatova FF, Fattakhova ZF, Gaynutdinova ER, Shakhmetova LN. Dynamics of dairy production of heifers of different genotypes of stearoylcoa desaturase (*SCD1*). *Research Journal of Pharmaceutical, Biological and Chemical Sciences*. 2018;9(6):2028-2031.
18. Sedykh TA, Kalashnikova LA, Dolmatova IYu, Gizatullin RS, Kosilov VI. Developing meat productivity in bull calves of different *DGATI* genotypes. *Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture*. 2023;15(3):155-174. doi: 10.12731/2658-6649-2023-15-3-155-174

Информация об авторах:

Николай Павлович Герасимов, доктор биологических наук, ведущий научный сотрудник селекционно-генетического центра по мясным породам скота, Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий Российской академии наук, 460000, г. Оренбург, ул. 9 Января, 29, тел: 8-912-358-96-17.

Бауыржан Кенесович Елемесов, аспирант селекционно-генетического центра по мясным породам скота, Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий Российской академии наук, 460000, г. Оренбург, ул. 9 Января, 29.

Альбек Комарович Сангаков, аспирант селекционно-генетического центра по мясным породам скота, Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий Российской академии наук, 460000, г. Оренбург, ул. 9 Января, 29.

Григорий Иванович Бельков, доктор сельскохозяйственных наук, член-корреспондент РАН, научный руководитель, Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий Российской академии наук, 460051, г. Оренбург, пр. Гагарина, 27/1, тел.: 8(3532)30-83-44.

Иван Михайлович Дунин, доктор сельскохозяйственных наук, профессор, академик РАН, руководитель научного направления «Селекция, разведение крупного рогатого скота и информационное обеспечение племенного скотоводства», Всероссийский научно-исследовательский институт племенного дела, 141212, Московская область, г. Пушкино, пос. Лесные Поляны, ул. Ленина, д. 13, тел.: +7(495)515-95-57.

Information about the authors:

Nikolay P Gerasimov, Dr. Sci. (Biology), Leading Researcher, Selection and Genetic Center for Beef Cattle Breeds, Federal Research Centre of Biological Systems and Agrotechnologies of the Russian Academy of Sciences, 29 9 Yanvarya St., Orenburg, 460000, tel.: 8-912-358-96-17.

Bauyrzhan K Elemesov, postgraduate student of the Selection and Genetic Center for Beef Cattle Breeds, Federal Research Centre of Biological Systems and Agrotechnologies of the Russian Academy of Sciences, 29 9 Yanvarya st., 460000, Orenburg.

Al'bek K Sangakov, postgraduate student of the Selection and Genetic Center for Beef Cattle Breeds, Federal Research Centre of Biological Systems and Agrotechnologies of the Russian Academy of Sciences, 29 9 Yanvarya St., Orenburg, 460000.

Grigory I Belkov, Dr. Sci. (Agriculture), Corresponding Member of the Russian Academy of Sciences, Scientific Director, Federal Research Centre of Biological Systems and Agrotechnologies of the Russian Academy of Sciences, 27/1 Gagarin Ave, Orenburg, 460051, tel.: 8(3532)30-83-44.

Ivan M Dunin, Dr. Sci. (Agriculture), Professor, Academician of the Russian Academy of Sciences, head of the Scientific Direction "Selection, breeding of cattle and information support for cattle breeding" All-Russian Scientific Research Institute of Breeding, village Lesnye Polyany, Lenin str., 13, Moscow region, Pushkino, 141212, tel.: +7(495)515-95-57.

Статья поступила в редакцию 11.12.2024; одобрена после рецензирования 20.03.2025; принята к публикации 16.06.2025.

The article was submitted 11.12.2024; approved after reviewing 20.03.2025; accepted for publication 16.06.2025.