

УДК 636.2:577.212.3

Краткое сообщение



DOI: 10.32634/0869-8155-2024-389-12-109-112

Х.М. Джатдоев

Т.А. Эркенов ✉

Северо-Кавказская государственная академия, Черкесск, Россия

✉ erkenov_timur@yahoo.com

Поступила в редакцию: 29.07.2024

Одобрена после рецензирования: 12.11.2024

Принята к публикации: 26.11.2024

© Джатдоев Х.М., Эркенов Т.А.

Полиморфизм некодирующих последовательностей у овец карачаевской породы

РЕЗЮМЕ

Актуальность. Генетическая структура автохтонных пород овец представляет особый интерес, поскольку позволяет оценивать пути распространения генетических потоков древнего овцеводства, а также выявлять молекулярно-генетические системы и их полиморфизм, ассоциированные с механизмами адаптации к меняющимся условиям окружающей среды. С целью сравнения генетических структур грубошерстных пород овец — карачаевской, калмыцкой и эдильбаевской, отличающихся по происхождению и условиям разведения, в работе оценены особенности генетических структур путем полилокусного генотипирования высокополиморфных геномных элементов — длинных концевых повторов пяти ретротранспозонов: SIRE-1, PaswS 5, BARE-1, BERV β -3 и BERV κ -1. В результате получены данные о высоком полиморфизме фрагментов геномной ДНК, фланкированных инвертированными повторами участков этих ретротранспозонов, причем по трем из них (SIRE-1, PaswS 5 и BARE-1) калмыцкие и эдильбаевские овцы оказались ближе друг к другу, чем к карачаевской овце, что соответствует накопленным данным об уникальности происхождения и условий обитания карачаевской породы.

Ключевые слова: автохтонные породы, овцы, карачаевские овцы, ретротранспозоны, полиморфизм, полилокусное генотипирование, генетические дистанции

Для цитирования: Джатдоев Х.М., Эркенов Т.А. Полиморфизм некодирующих последовательностей у овец карачаевской породы. *Аграрная наука*. 2024; 389(12): 109–112.

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-389-12-109-112>

Short communications



DOI: 10.32634/0869-8155-2024-389-12-109-112

Khyzyr M. Dzhatdоеv

Timur A. Erkenov ✉

North Caucasus State Academy, Cherkessk, Russia

✉ erkenov_timur@yahoo.com

Received by the editorial office: 29.07.2024

Accepted in revised: 12.11.2024

Accepted for publication: 26.11.2024

© Dzhatdоеv K.M., Erkenov T.A.

Polymorphism of non-coding sequences in karachai sheep

ABSTRACT

Relevance. The genetic structure of autochthonous sheep breeds is of particular interest, since it allows us to assess the ways of spreading the genetic streams of ancient sheep breeding, as well as to identify molecular genetic systems and their polymorphism associated with mechanisms of adaptation to changing environmental conditions. In order to compare the genetic structures of coarse-haired sheep breeds — Karachay, Kalmyk and Edilbaevskaya, differing in origin and breeding conditions, the features of genetic structures were evaluated by polylocus genotyping of highly polymorphic genomic elements — long terminal repeats of five retrotransposons: SIRE-1, PaswS 5, BARE-1, BERV β -3 and BERV κ -1. As a result, data were obtained on the high polymorphism of genomic DNA fragments flanked by inverted repeats of the sites of these retrotransposons, and for three of them (SIRE-1, PaswS 5 and BARE-1) Kalmyk and Edilba sheep turned out to be closer to each other than to the Karachai sheep, which corresponds to the accumulated data on the uniqueness of origin and habitat conditions the Karachai breed.

Key words: autochthonous breeds, sheep, Karachai sheep, retrotransposons, polymorphism, polylocus genotyping, genetic distances

For citation: Dzhatdоеv K.M., Erkenov T.A. Polymorphism of non-coding sequences in Karachai sheep. *Agrarian science*. 2024; 389(12): 109–112 (in Russian).

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-389-12-109-112>

Введение/Introduction

Карачаевская порода овец относится к достаточно хорошо представленной грубошерстной группе. Она является уникальной автохтонной породой Северного Кавказа, и ее уникальность заключается в том, что, помимо высокой хозяйственно биологической ценности, она обладает еще несвойственными для овец многих других пород признаками, такими как высокая резистентность к инфекционным болезням, приспособленность к резким перепадам температур, гипоксии в горных условиях, способности преодолевать большие расстояния при перегоне на пастбище в резко пересеченной местности [1].

Карачаевская порода выведена более 200 лет назад в Карачаево-Черкесии, отмечаются ее независимое происхождение и отсутствие генетических связей с современными породами, создана народной селекцией путем улучшения местной овцы в условиях круглогодичного пастбищного содержания.

К настоящему времени выполнены масштабные исследования, направленные на картирование областей локализации геномных элементов в геноме овец, ассоциированных с изменчивостью фенотипических характеристик, связанных с продуктивностью и адаптационными признаками, для выявления подтвержденных мишеней искусственного и естественного отбора (CSS) [2]. В общей сложности идентифицированы 518 CSS по всему геному овец, классифицированных как связанные с изменчивостью характеристик продуктивности (147 продCSS) и показателей адаптивности (219 адапCSS). Обнаружено, что гены, входящие в состав CSS, ассоциированы с биологическими процессами адаптации и продуктивности.

В исследованиях генов у 15 автохтонных русских пород, связанных с балансом между продуктивностью и адаптивностью животных, выделены 2 хорошо дифференцированные группы. В первую входили, в частности, 3 грубошерстные породы, такие как карачаевская, калмыцкая и эдильбаевская, причем первая — горная, две другие — степные [3].

В данном исследовании, несмотря на наличие определенного сходства проекций признаков продуктивности и адаптивности на конкретные гены, вовлекаемые в соответствующие характеристики, карачаевская овца заметно отличалась от других пород.

Цель исследования — выявление своеобразия генетической структуры карачаевской породы с помощью полилокусного генотипирования по высокополиморфным ДНК-маркерам, представленным фрагментами геномной ДНК, фланкированными инвертированными повторами участков ретротранспозонов (Inter Retrotransposon Amplified Polymorphism — IRAP-маркеры), занимающих почти половину генома и наиболее изменчивых элементов геномов млекопитающих у 3 грубошерстных пород овец — карачаевской, эдильбаевской и калмыцкой.

Материалы и методы исследования / Materials and methods

В анализ включены следующие овцы 3 пород: эдильбаевской (60 голов, ОАО «Эдильбай-Волгоград»), калмыцкой (30 голов, крестьянско-фермерское хозяйство «Харада», Республика Калмыкия), карачаевской (20 голов, частное хозяйство, пос. Индустрия, Ставропольский край).

Образцы крови получали из яремной вены животных в соответствии с «Позицией по этике использования животных в исследованиях, выполняемых при поддержке Российского научного фонда»¹. ДНК выделяли с использованием набора «ДНК-Экстрен 1» («Синтол», Россия) в соответствии с рекомендациями производителя.

В качестве праймеров использовали олигонуклеотидные последовательности («Синтол», Россия), гомологичные длинным терминальным повторам (Long Terminal Repeat, LTR) следующих эндогенных ретровирусов: LTR SIRE-1 (Soybean Interspersed Repetitive Element 1 [5, 6] праймер 5'GCAGTTATGCAAGTGGGATGAGCA3'; PawS5 семейства R173 [7], праймер 5'AACGAGGGGTTCGAGGCC3'; BARE-1 [8], праймер 5'CCAACTAGAGGCTTGCTAGGGAC3'; эндогенный ретровирус BERV K-1, участвовавший в формировании плаценты у млекопитающих (baboon placental ERV) [9, 10], и BERV β-3 (bovine endogenous retrovirus β-3) [11], входящий в семейство эндогенных ретровирусов, экспрессирующихся в разных органах, в частности у крупного рогатого скота [12], праймеры 5'TATCAGGCCCTCCTCCGCATG3' и 5'GGACCTTCTCCTTCAAGGC3' соответственно.

ПЦР проводили в общем объеме 20 мкл с использованием коммерческого набора реагентов для ОТ-ПЦР («Синтол», Россия). Условия амплификации: начальная денатурация (t = 94 °C, 2 мин.); денатурация (t = 94 °C, 30 сек.); отжиг (t = 55 °C, 30 сек.); элонгация (t = 72 °C, 2 мин.) — 30 циклов; финальная элонгация (t = 72 °C, 10 мин.).

ПЦР проводили на амплификаторе «Терцик» («ДНК-Технология», Россия). Продукты амплификации разделяли в горизонтальных 1,5%-ных агарозных гелях. Гели окрашивали бромистым этидием. Размеры фрагментов ДНК определяли с помощью маркера молекулярной массы 100 п. о. + 1,5 т. п. о. + 3 т. п. о. (12 фрагментов от 100 до 3000 п. о.) M27 («СибЭнзим», Россия). Каждый фрагмент в полученных спектрах ДНК рассматривали как отдельный локус. Наличие (отсутствие) фрагмента определенной длины в спектрах оценивалось как генотип локуса. Расчет показателя PIC (полиморфного информационного содержания) проводился с использованием формулы для биаллельных локусов, основанной на принципе Харди — Вайнберга, для которой $PIC = 2f(1 - f)$, где f — частота встречаемости отсутствия продукта амплификации, которое оценивалось как рецессивный аллель.

Результаты и обсуждение / Results and discussion

Исследования полиморфизма фрагментов геномной ДНК овец, фланкированных инвертированными повторами длинных терминальных повторов 5 ретротранспозонов (см. Материалы и методы), выполнялись на образцах периферической крови 3 пород овец — карачаевской, калмыцкой, эдильбаевской.

Выявлен и суммарно (с учетом внутривидового полиморфизма каждого фрагмента геномной ДНК отдельно) оценен полиморфизм полученных с использованием в качестве праймера участков исследуемых ретротранспозонов в полимеразной цепной реакции (ПЦР) продуктов амплификации (ампликонов). Суммарно по всем спектрам оценивали полиморфизм надежно и воспроизводимо выявляемых 75 локусов: получены с праймером SIRE-1 16 локусов, PawS 5 — 17, BARE-1 — 16, BERVk-1 — 14, BERV β-3 — 12 (табл. 1, рис. 1).

¹ https://rscf.ru/fondfiles/PotE_rus.pdf

Таблица 1. Усредненные характеристики спектров ампликонов геномной ДНК овец суммарно по породам, полученных с использованием 5 IRAP-PCR-маркеров (см. Материалы и методы)

Table 1. Average characteristics of the spectra of sheep genomic DNA amplicons in total by breeds, obtained using five IRAP-PCR-markers (see materials and methods)

IRAP-маркеры	SIRE-1	PawS 5	BARE-1	BERV β-3	BERV k-1
Границы длин фрагментов спектра	1490–320	1910–480	1430–330	1300–450	1300–190
Количество локусов в спектре	16	17	16	12	14
PIC _{пр.}	0,224	0,185	0,197	0,127	0,175
P _{пр.} (%)	63	53	50	33	43

Примечание: PIC — полиморфное информационное содержание спектра ампликонов, P — доля полиморфных локусов.

Рис. 1. Электрофореграмма спектров ампликонов геномной ДНК эдильбаевской овцы, полученных с использованием в качестве праймеров фрагментов 5 ретротранспозонов, указанных в верхней строке фотографий (IRAP-маркеры). M-маркер молекулярных масс, 3000, 1500, 1000, 500 пар оснований (п. о.)

Fig. 1. Electropherogram of the spectra of amplicons of genomic DNA of the Edilbaev sheep obtained using fragments of five retrotransposons as primers, indicated in the upper row of the photographs (IRAP-markers). M-marker of molecular masses, 3000, 1500, 1000, 500 base pairs (bp)

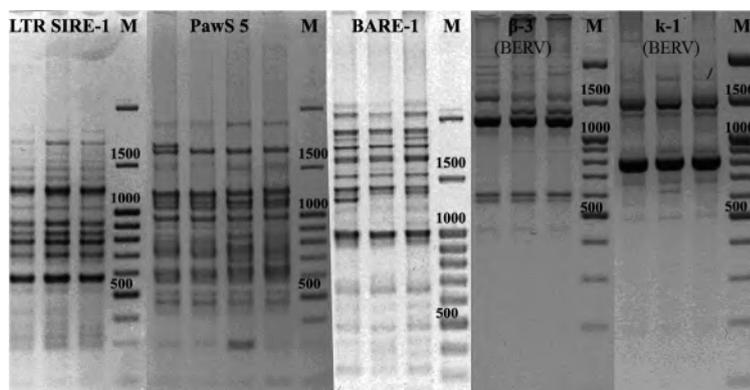


Таблица 2. Характеристики спектров IRAP-PCR-маркеров у исследованных пород овец

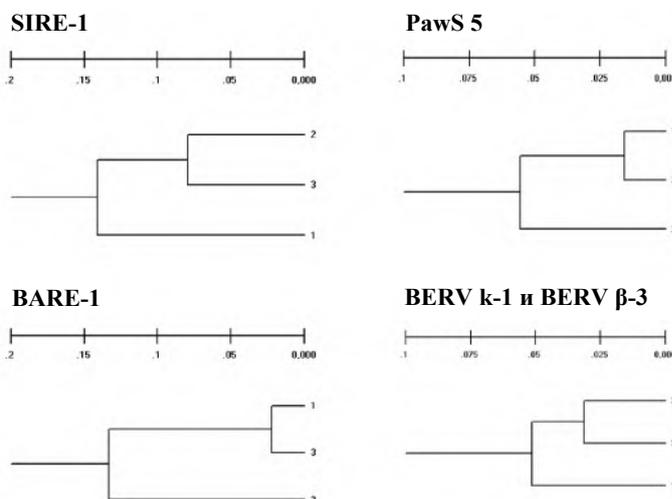
Table 2. Characteristics of IRAP-PCR-marker spectra in the studied sheep breeds

IRAP маркеры	SIRE-1		PawS 5		BARE-1		BERV k-1		BERV β-3	
	PIC	P, %	PIC	P, %	PIC	P, %	PIC	P, %	PIC	P, %
Породы										
Калмыцкие овцы	0,112	31	0,159	47	0,154	25	0,099	21	0,037	17
Карачаевские овцы	0,043	13	0,199	47	0,050	13	0,130	29	0,041	8
Эдильбаевские овцы	0,081	19	0,113	35	0,157	38	0,152	36	0,111	25

Примечание: PIC — полиморфное информационное содержание спектра ампликонов, P — доля полиморфных локусов.

Рис. 2. Дендрограммы, построенные на основании генетических дистанций (DN), рассчитанных по значениям полиморфизма спектров праймеров SIRE-1, PawS 5, BARE-1 и BERV у разных пород овец: 1 — калмыцких, 2 — карачаевских, 3 — эдильбаевских

Fig. 2. Dendrograms based on genetic distances (DN) calculated from the polymorphism values of the spectra of primers SIRE-1, PawS 5, BARE-1 and BERV in different breeds of sheep: 1 — Kalmyk, 2 — Karachai, 3 — Edilbaev



Спектры фрагментов ДНК, полученные в результате генотипирования групп родственных между собой пород овец (калмыцких и эдильбаевских) по особенностям истории происхождения, эколого-географическим условиям обитания, но отличающихся по генетической структуре, оцененной по полиморфизму микросателлитных локусов [13], оказались достаточно близки по IRAP-маркерам. Так, при использовании в качестве праймера терминального участка ретротранспозона LTR-SIRE-1 они характеризовались близкими значениями полиморфизма (PIC_{ср.} = 0,081; 0,112; p = 19%; 31% соответственно) (табл. 2).

Высокий уровень полиморфизма выявлен в спектрах фрагментов ДНК всех исследованных групп овец, полученных с использованием праймера PawS 5. Полиморфизм спектров по праймеру BARE-1 у калмыцких и эдильбаевских овец сходен с таковым по праймеру PawS 5, тогда как группа карачаевских овец оказалась менее полиморфной.

Полиморфизм спектров, полученных с использованием фрагментов эндогенных бета-ретровирусов млекопитающих, отличался в зависимости от используемого праймера. Так, спектры праймера BERV k-1 были более полиморфны по сравнению со спектрами праймера BERV β-3. При этом по спектрам праймера BERV k-1 не обнаруживается выраженной межпородной дифференциации.

Отмечаются относительно низкие значения полиморфизма у калмыцких овец по сравнению с эдильбаевскими и карачаевскими (табл. 2).

При сравнении относительно близких пород (калмыцкой и эдильбаевской) первые оказываются наиболее разнородными исходя из полиморфизма, полученного по праймерам к фрагментам ретротранспозонов растений, за исключением праймера BARE-1, где значения P и PIC сравнимы с другими породами. И, наоборот, спектры фрагментов ДНК праймеров к ретротранспозонам животных были более полиморфны у эдильбаевских овец.

По значениям генетических расстояний, рассчитанных по методу М. Нея (DN) [14], были построены дендрограммы (рис. 2). Известную историю происхождения пород отражают дендрограммы, построенные на основании полиморфизма, полученного с использованием праймеров, исходно применяемых для генотипирования злаков (PawS 5 и BARE-1). То есть степные породы — калмыцкая и эдильбаевская, имеющие общий корень, образуют общий кластер, а горная карачаевская обособляется.

В наибольшей степени эти породы удалены друг от друга на дендрограммах, полученных исходя из значений полиморфизма спектров фрагментов праймера

SIRE-1 и объединенных значений полиморфизма спектров праймеров BERV (рис. 2).

Различия в расположении разных пород в дендрограмме помогут понять уровень разнообразия и адаптивности популяций, что будет полезно для программ по селекции и консервации овец.

Выводы/Conclusions

Согласно полученным данным, дифференциация пород овец по всем праймерам имела общую определенную закономерность, и ни в одном случае исходные популяции овец, то есть калмыцкие (по сравнению

с эдильбаевскими) и карачаевские, не объединялись в один кластер.

Карачаевская порода, представляющая горный тип, выделяется в отдельный кластер. Это может указывать на то, что горные и степные породы имеют разные адаптации к условиям проживания и отличия в их генетическом фоне.

Наибольшее генетическое различие зафиксировано по данным полиморфизма, полученным от праймеров SIRE-1 и BERV. Это говорит о значительных генетических различиях между данными группами овец.

Все авторы несут ответственность за работу и представленные данные. Все авторы внесли равный вклад в работу. Авторы в равной степени принимали участие в написании рукописи и несут равную ответственность за плагиат. Авторы объявили об отсутствии конфликта интересов.

All authors bear responsibility for the work and presented data. All authors made an equal contribution to the work. The authors were equally involved in writing the manuscript and bear the equal responsibility for plagiarism. The authors declare no conflict of interest.

ФИНАНСИРОВАНИЕ

Исследования выполнены в рамках государственного задания Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (тема № 1023083000004-7-4.1.1 «Генетические ресурсы карачаевской породы лошадей и карачаевской породы овец в разных эколого-географических зонах»).

FUNDING

The research was carried out within the state assignment of Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation (theme No. 1023083000004-7-4.1.1 "Genetic resources of the Karachai breed of horses and the Karachai breed of sheep in different ecological and geographical zones").

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

- Гаджиев З.К. Перспективы развития грубошерстных овец мясошерстно-молочного направления продуктивности на Северном Кавказе. *Сельскохозяйственный журнал*, 2009; 2(2–2): 17–21.
- Suárez-Vega A., Arranz J.J., Gutiérrez-Gil B. Integration of selective sweeps across the sheep genome: understanding the relationship between production and adaptation traits. *Genet Sel Evol.* 2024; 56(1): 40. <https://doi.org/10.1186/s12711-024-00910-w>
- Yurchenko A.A. *et al.* High-density genotyping reveals signatures of selection related to acclimation and economically important traits in 15 local sheep breeds from Russia. *BMC Genomics*. 2019; 8: 20(S3): 294. <https://doi.org/10.1186/s12864-019-5537-0>
- Глазко В.И., Косовский Г.Ю., Глазко Т.Т. Доместикация как частный случай эволюции: об универсальности принципов и механизмов (обзор). *Сельскохозяйственная биология*. 2023; 58(5): 821–839. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2023.5.821rus>
- Laten H.M., Morris R.O. SIRE-1, a long interspersed repetitive DNA element from soybean with weak sequence similarity to retrotransposons: initial characterization and partial sequence. *Gene*. 1993; 8: 134(2): 153–159. [https://doi.org/10.1016/0378-1119\(93\)90089-1](https://doi.org/10.1016/0378-1119(93)90089-1)
- Laten H.M., Havecker E.R., Farmer L.M., Voytas D.F. 'SIRE1, an Endogenous Retrovirus Family from Glycine max, Is Highly Homogeneous and Evolutionarily Young. *Mol. Biol. Evol.* 2003; 20(8): 1222–1230. <https://doi.org/10.1093/molbev/msg142>
- Lee J.H., Graybosch R.A., Kaeppeler S.M., Sears R.G. A PCR assay for detection of a 2RL.2BS wheat-rye chromosome translocation. *Genome*. 1996; 39(3): 605–608. <https://doi.org/10.1139/g96-076>
- Manninen I., Schulman A.H. BARE-1, a 'copia-like retroelement in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Plant Mol Biol.* 1996; 22(5): 829–846. <https://doi.org/10.1007/BF00027369>
- Galli J., Almiñana C., Wiesendanger M., Schuler G., Kowalewski M.P., Klisch K. Bovine placental extracellular vesicles carry the fusogenic syncytin BERV-K1. *Theriogenology*. 2024; 223: 59–69. <https://doi.org/10.1016/j.theriogenology.2024.04.012>
- Baba K. *et al.* Identification of novel endogenous beta retroviruses which are transcribed in the bovine placenta. *J Virol.* 2011; 85(3): 1237–1245. <https://doi.org/10.1128/JVI.01234-10>
- Xiao R., Kim J., Choi H., Park K., Lee H., Park C. Characterization of the bovine endogenous retrovirus beta3 genome. *Mol Cells*. 2008; 29: 25(1): 142–147.
- Sakurai T., Kusama K., Imakawa K. Progressive Exaptation of Endogenous Retroviruses in Placental Evolution in Cattle. *Biomolecules*. 2023; 13(12): 1680. <https://doi.org/10.3390/biom13121680>
- Гладырь Е.А. и др. Оценка степени дифференциации эдильбаевской и калмыцкой пород овец по микросателлитам. *Достижения науки и техники АПК*. 2013; 3: 68–70.
- Nei M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*. 1978; 89(3): 583–590. <https://doi.org/10.1093/genetics/89.3.583>

REFERENCES

- Gadzhiev Z.K. Prospects for the development of coarse-wool sheep of meat-wool-milk productivity in the North Caucasus. *Agricultural Journal*, 2009; 2(2–2): 17–21 (in Russian).
- Suárez-Vega A., Arranz J.J., Gutiérrez-Gil B. Integration of selective sweeps across the sheep genome: understanding the relationship between production and adaptation traits. *Genet Sel Evol.* 2024; 56(1): 40. <https://doi.org/10.1186/s12711-024-00910-w>
- Yurchenko A.A. *et al.* High-density genotyping reveals signatures of selection related to acclimation and economically important traits in 15 local sheep breeds from Russia. *BMC Genomics*. 2019; 8: 20(S3): 294. <https://doi.org/10.1186/s12864-019-5537-0>
- Glazko V.I., Kosovsky G.Yu., Glazko T.T. Domestication as a special case of evolution: on the universality of principles and mechanisms (review). *Agricultural Biology*. 2023; 58(5): 821–839 (in Russian). <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2023.5.821rus>
- Laten H.M., Morris R.O. SIRE-1, a long interspersed repetitive DNA element from soybean with weak sequence similarity to retrotransposons: initial characterization and partial sequence. *Gene*. 1993; 8: 134(2): 153–159. [https://doi.org/10.1016/0378-1119\(93\)90089-1](https://doi.org/10.1016/0378-1119(93)90089-1)
- Laten H.M., Havecker E.R., Farmer L.M., Voytas D.F. 'SIRE1, an Endogenous Retrovirus Family from Glycine max, Is Highly Homogeneous and Evolutionarily Young. *Mol. Biol. Evol.* 2003; 20(8): 1222–1230. <https://doi.org/10.1093/molbev/msg142>
- Lee J.H., Graybosch R.A., Kaeppeler S.M., Sears R.G. A PCR assay for detection of a 2RL.2BS wheat-rye chromosome translocation. *Genome*. 1996; 39(3): 605–608. <https://doi.org/10.1139/g96-076>
- Manninen I., Schulman A.H. BARE-1, a 'copia-like retroelement in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Plant Mol Biol.* 1996; 22(5): 829–846. <https://doi.org/10.1007/BF00027369>
- Galli J., Almiñana C., Wiesendanger M., Schuler G., Kowalewski M.P., Klisch K. Bovine placental extracellular vesicles carry the fusogenic syncytin BERV-K1. *Theriogenology*. 2024; 223: 59–69. <https://doi.org/10.1016/j.theriogenology.2024.04.012>
- Baba K. *et al.* Identification of novel endogenous beta retroviruses which are transcribed in the bovine placenta. *J Virol.* 2011; 85(3): 1237–1245. <https://doi.org/10.1128/JVI.01234-10>
- Xiao R., Kim J., Choi H., Park K., Lee H., Park C. Characterization of the bovine endogenous retrovirus beta3 genome. *Mol Cells*. 2008; 29: 25(1): 142–147.
- Sakurai T., Kusama K., Imakawa K. Progressive Exaptation of Endogenous Retroviruses in Placental Evolution in Cattle. *Biomolecules*. 2023; 13(12): 1680. <https://doi.org/10.3390/biom13121680>
- Gladyr E.A. *et al.* Evaluation of the degree of differentiation of the Edilbaevskaya and Kalmyk breeds of sheep by microsatellites. *Achievements of science and technology of the agro-industrial complex*. 2013; 3: 68–70 (in Russian).
- Nei M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*. 1978; 89(3): 583–590. <https://doi.org/10.1093/genetics/89.3.583>

ОБ АВТОРАХ

Хызыр Магометович Джатдоев
кандидат сельскохозяйственных наук, директор научно-образовательного селекционного центра коневодства
h.jatdo@mail.ru

Тимур Алипович Эркенов
кандидат сельскохозяйственных наук, директор Аграрного института
erkenov_timur@yahoo.com

Северо-Кавказская государственная академия,
Ставропольская ул., 36, Черкесск, 369000, Россия

ABOUT THE AUTHORS

Khyzyr Magometovich Dzhatdoev
Candidate of Agricultural Sciences, Director of the Scientific and Educational Breeding Center for Horse Breeding
h.jatdo@mail.ru

Timur Alipovich Erkenov
Candidate of Agricultural Sciences, Director of the Agricultural Institute
erkenov_timur@yahoo.com

North Caucasus State Academy,
36 Stavropolskaya Str., Cherkessk, 369000, Russia