

DOI: 10.48612/sbornik-2023-1-10  
УДК 636.38: 575.17

## ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ОБУСЛОВЛЕННОСТЬ ПОКАЗАТЕЛЯ ЖИВОЙ МАССЫ У ОВЕЦ ЮЖНОЙ МЯСНОЙ ПОРОДЫ

Шевцова Варвара Сергеевна<sup>1,2</sup>, аспирант

Куликова Анна Яковлевна<sup>3</sup>, д-р с.-х. наук

Усатов Александр Вячеславович<sup>1</sup>, д-р биол. наук

Колосов Юрий Анатольевич<sup>4</sup>, д-р с.-х. наук

Гетманцева Любовь Владимировна<sup>5</sup>, д-р биол. наук

<sup>1</sup>ФГАОУ ВО «Южный федеральный университет», Ростов-на-Дону, Российская Федерация

<sup>2</sup>ФГБУН «Федеральный исследовательский центр ЮНЦ РАН»,

Ростов-на-Дону, Российская Федерация

<sup>3</sup>ФГБНУ «Краснодарский научный центр по зоотехнии и ветеринарии»,

г. Краснодар, Российская Федерация

<sup>4</sup>ФГБОУ ВО «Донской ГАУ», п.Персиановский, Ростовская обл., Российская Федерация

<sup>5</sup>ФГБНУ ЦСП ФМБА России, г. Москва, Российская Федерация

В работе представлены результаты поиска генов-кандидатов, связанных с показателем живой массы взрослых овец южной мясной породы. Методом расчета индексов фиксации определены значимые генетические варианты, расположенные на хромосомах 5, 6, 12, 20. Проведен статистический анализ живой массы и показаны достоверные различия исследуемого показателя у овцематок различных генотипов. Определены гены-кандидаты, исследование которых позволит повысить показатели продуктивности овец южной мясной породы.

**Ключевые слова:** породы овец; южная мясная; живая масса; индексы фиксации, значимые полиморфизмы

## GENETIC DETERMINATION OF LIVE WEIGHT TRAIT IN SOUTHERN MEAT SHEEP

Shevtsova Varvara Sergeevna<sup>1,2</sup>, PhD student

Kulikova Anna Yakovlevna<sup>3</sup>, Dr. Agr. Sci.

Usatov Alexander Viacheslavovich<sup>1</sup>, Dr. Biol. Sci.

Kolosov Yuriy Anatolievich<sup>4</sup>, Dr. Agr. Sci.

Getmantseva Lyubov Vladimirovna<sup>5</sup>, Dr. Biol. Sci.

<sup>1</sup>Southern Federal University, Rostov on Don, Russian Federation

<sup>2</sup>Southern Scientific Center of the Russian Academy of Science, Rostov on Don, Russian Federation

<sup>3</sup>Krasnodar Research Centre for Animal Husbandry and Veterinary Medicine, Krasnodar, Russian Federation

<sup>4</sup>Don State Agrarian University, Persianovski set., Rostov region, Russian Federation

<sup>5</sup>FMBA Centre for Strategic Planning, Moscow, Russian Federation

The paper presents the results of searching the gene-candidates which are related to the live weight trait in adult Southern meat sheep. By the fixation indices method, we got the list of significant SNPs on chromosomes OAR 5, 6, 12, 20. The statistical analysis showed the significant difference in live weight in Southern meat ewes of different genotypes. The list of gene-candidates which could be useful for improvement of this growth trait in the Southern meat breed was defined.

**Key words:** sheep breeds, Southern meat breed, live weight, fixation indices, significant polymorphisms

Признаки роста животных и живая масса, в частности, являются ключевыми в экономике мясошерстного овцеводства. Живая масса взрослого животного – наиболее пока-

зательная и, в то же время, легко регистрируемая величина, имеющая также самый высокий коэффициент наследуемости [5]. Будучи количественным признаком, живая масса

обусловлена комплексом генетических и средовых факторов. Наряду с вошедшими в обиход исследованиями ДНК-маркеров таких генов, как миостатин, гормон роста, кальпаин и др. идет поиск ранее неизвестных участков генома, ассоциированных с этим показателем. Так в работе W. Raadsma и др., в популяции мериносовые овцы×авасси были выявлены локусы количественных признаков (QTL) на хромосомах OAR1, 3, 6, 11, 21, 23, 24 и 26, связанные с живой массой [6]. В работе, посвященной полногеномному поиску ассоциаций с показателями роста, у австралийских мериносов выявлен регион на OAR6 [3]. Крупномасштабный проект по изучению показателей живой массы при рождении, при отъеме и в возрасте 12 месяцев у овец породы балучи (Иран) позволил установить значимые полиморфизмы на OAR 8, 13, 25 и 7 [4].

Важно отметить породоспецифичность локусов количественных признаков, связанных с формированием показателя живой массы. Что говорит о необходимости изучения факторов, лежащих в ее основе у представителей наиболее перспективных отечественных пород, в частности, южной мясной.

**Методика исследований.** Данные по живой массе овцематок южной мясной породы старше 24 месяцев и биологические образцы (ушные выщипы) были любезно предоставлены хозяйством ФГУП «Рассвет-Кубань», расположенном в п. Знаменский

Краснодарского края. После анализа данных зоотехнического учета были отобраны 48 животных для генотипирования. Генотипирование проводилось на чипах средней плотности OvineSNP50 Genotyping BeadChip. Фильтрация, обработка результатов генотипирования и визуализация проводились по стандартной методике в программных пакетах R и plink.

**Результаты исследований и их обсуждение.** По результатам генотипирования и последующей фильтрации для исследования были оставлены 46447 полиморфизмов. Овцематки были ранжированы по показателю живой массы и отобраны крайние варианты для расчета индексов фиксации (на основании сравнения 45179 полиморфизмов): первая группа включала животных с живой массой 55-59 кг, вторая группа была представлена овцематками с живой массой, превышающей 80 кг.

Методом расчета индексов фиксации (Fst) сравнили генетические варианты овец из двух групп. Результаты позволили выявить 55 полиморфизмов, связанных с показателем живой массы у овец южной мясной породы. Значительная доля выявленных полиморфизмов локализована в межгенных участках, поэтому для последующего анализа были отобраны 4 полиморфизма, локализованные в интронах генов и имеющие наибольшие значения индексов фиксации (таблица 1).

Таблица 1 – Полиморфизмы, связанные с показателем живой массы

Полиморфизм	Хромосома	Ген	Rs (бд SNP)	Индекс фиксации (Fst)
s27609.1	12	LOC101104591	rs427293175	0.580975
OAR5_54849290.1	5	NDFIP1	rs405818026	0.555556
OAR20_6896923.1	20	LRRC1	rs422829400	0.555556
OAR6_64284257.1	6	WDR19	rs419744348	0.522895

Далее влияние каждого из генотипов на показатель живой массы было подробно исследовано по всей выборке (n=48). Результаты статистической обработки результатов и сводные данные по средним значениям и

стандартному отклонению живой массы у овец различных генотипов по значимым генетическим вариантам представлены в таблице 2.

Таблица 2 – Эффекты генотипов значимых полиморфизмов (на основе Fst) на показатель живой массы (Mean – среднее значение; SD – стандартное отклонение)

Mean ± SD, кг			Различия средних между генотипами, кг
AA	AG	GG	
LOC101104591			GG-AG – 9.35 (p=0.00034)
–	65.9±7.03	75.25±6.77	
NDFIP1			GG-AA – 11.92 (p=0.0062)
AA 68.48±7.67	GA 72.6±6.34	GG 80.4±5.81	
LRRC1			GG-GA – 11.33 (p=0.0006)
AA 68.45±9.24	GA 69.5±2.93	GG 80.83±1.72	
WDR19			GG-AG – 7.82 (p=0.0018)
AA –	AG 67.14±7.49	GG 74.96±7.25	

Как видно из таблицы 2, овцематки с генотипами GG по генам LOC101104591 и LRRC1 в сравнении с гетерозиготами демонстрируют достоверные различия в живой массе (уровень статистической значимости  $p < 0.001$ ). Различия по тому же показателю, у овцематок с генотипами GG по сравнению с AG (ген WDR19) не столь велики, но также достоверны ( $p < 0.005$ ). Невысокий уровень значимости эффекта полиморфизма в гене NDFIP1 ( $p = 0.0062$ ) может объясняться недостаточным объемом выборки. Важно отметить, что по генам LOC101104591 и WDR19 обнаружено всего по одной гомозиготе AA. В результате чего рассчитать среднюю живую массу для носительниц этих генотипов не представилось возможным, однако разница в средних значениях живой массы между гомозиготами GG и гетерозиготами достаточно велика для формирования обоснованных выводов о предпочтительности гомозиготного генотипа.

**Выводы.** Результаты полногеномного генотипирования с последующим применением метода расчета индексов фиксации позволили выявить в геноме овцематок южной мясной породы регионы, связанные с формированием полигенного признака живой массы. Наибольшее количество полиморфизмов, влияющих на исследуемый показатель обнаружено на хромосомах 5, 6, 9, 12, 20. После подробного анализа выявленных полиморфизмов для дальнейшего исследования были выбраны варианты с наибольшими значениями Fst, расположенные в генах LOC101104591, NDFIP1, LRRC1, WDR19.

Проведенные статистические расчеты позволили установить генотипы, обуславливающие более высокие показатели живой массы овцематок для каждого из 4 генов. Гены-кандидаты, выявленные в ходе исследования, могут быть использованы в качестве генетических маркеров для улучшения селекционной работы и повышения рентабельности отрасли мясного овцеводства.

**Исследование выполнено в рамках работ по гранту РФФИ №20-316-90048.**

#### Список литературы

1. Абонеев В. В. Комплексная оценка потомства производителей южной мясной и кавказской пород овец / В. В. Абонеев, В. В. Марченко, Л. Г. Горковенко, А. Я. Куликова // Главный зоотехник. – 2017. – №5. – С. 5–13.
2. Куликова А. Я. Скороспелость и мясная продуктивность овец районированных полутонкорунных пород / А. Я. Куликова // Сборник научных трудов КНЦЗВ. – 2020. – Т. 9. – № 2. – С. 89–93.
3. Al-Mamun, H. A. Genome-wide association study of body weight in Australian Merino sheep reveals an orthologous region on OAR6 to human and bovine genomic regions affecting height and weight / H. A. Al-Mamun, P. Kwan, S. A. Clark, M. H. Ferdosi, R. Tellam, C. Gondro // Genetics Selection Evolution. – 2015. – Vol.47. – №1. – pp. 1–11.
4. Gholizadeh M. Genomewide association study of body weight traits in Baluchi sheep / M. Gholizadeh, G. Rahimi-Mianji, A. Nejati-Javaremi // Journal of Genetics. – 2015. – №94. – pp. 143–146.

5. ICAR Guidelines Section 21 Meat, reproduction and maternal trait recording in sheep and goats / The global standard for livestock data// – 2021. – 25p.

6. Raadsma H. W. Mapping quantitative trait loci (QTL) in sheep. I. A new male framework

linkage map and QTL for growth rate and body weight / H. W. Raadsma, P. C. Thomson, K. R. Zenger, C. Cavanagh, M. K. Lam, E. Jonas, F. W. Nicholas // Genetics Selection Evolution. – 2009. № 41. – pp. 1–17.