

ПОИСК ГЕНОВ-КАНДИДАТОВ ЖИВОЙ МАССЫ У ОВЕЦ ЮЖНОЙ МЯСНОЙ ПОРОДЫ

© 2023 г. В. С. Шевцова^{1, 2, *}, А. Я. Куликова³, Л. В. Гетманцева⁴, А. В. Усатов¹

¹Южный федеральный университет, Ростов-на-Дону, 344000 Россия

²Южный научный центр Российской академии наук, Ростов-на-Дону, 344006 Россия

³Краснодарский научный центр по зоотехнии и ветеринарии, Краснодар, 350055 Россия

⁴Донской государственный аграрный университет, Ростовская обл., пос. Персиановский, 346493 Россия

*e-mail: barbaragen4@mail.ru

Поступила в редакцию 28.06.2023 г.

После доработки 30.06.2023 г.

Принята к публикации 04.07.2023 г.

В работе представлены результаты поиска генов-кандидатов живой массы у овец южной мясной породы. Выборка из 48 овцематок, живая масса которых измерялась в возрасте старше 24 мес., была генотипирована на чипе средней плотности Ovine SNP 50 GenotypingBeadChip. Расчеты, выполненные с помощью метода F_{st} , позволили выявить 55 полиморфизмов, 10 из которых отобраны для анализа влияния на исследуемый показатель. Все отобранные гены-кандидаты продемонстрировали связь с признаком живой массы. Особого внимания заслуживает ген *NDFI1*, в котором детектировано два генетических варианта.

Ключевые слова: овцы, полиморфизмы, живая масса, индексы фиксации.

DOI: 10.31857/S0016675823110139, **EDN:** NNLDIN

Сохранению отечественных пород сельскохозяйственных животных в значительной мере помогает изучение их генетических особенностей. Основанием для этого может служить их хозяйственная ценность. Одной из весьма перспективных отечественных пород мясного направления продуктивности является южная мясная, полученная путем ряда сложных скрещиваний овцематок отечественных пород в типе корриделей с баранами тексель и впоследствии с восточно-фризской молочной [1]. Одним из ключевых в мясном овцеводстве является показатель живой массы. Будучи количественным признаком, живая масса находится под контролем большого числа генов. Кроме того, рядом авторов показана породоспецифичность и зависимость от этапа онтогенеза генных комплексов, вовлекаемых в ее формирование [2].

Цель исследования – выявление на основе результатов генотипирования на чипах средней плотности генетических вариантов, обуславливающих у представителей южной мясной породы высокие показатели живой массы. На чипе средней плотности были генотипированы 48 овцематок, взвешивание которых производилось в возрасте 24 мес. и старше. Фильтрация результатов генотипирования была проведена по методике, рекомендованной в работе [3]. Методом F_{st} (один

из индексов фиксации в статистике Райта) были определены значимые генетические варианты, участвующие в формировании признака живой массы. Для расчетов животные были ранжированы по признаку живой массы и отобраны крайние значения (максимальные и минимальные). Овцематки с живой массой 55–59 кг составили субпопуляцию (шесть голов) с минимальным показателем. Живая масса во второй субпопуляции превышала 80 кг (девять голов). Значимыми вариантами считали те, у которых значения F_{st} превысили уровень квантиля 0.999 (0.1% выбросов). Результаты позволили выявить 55 полиморфизмов, связанных с показателем живой массы у овец южной мясной породы.

Паттерн распределения по аутосомам выявленных генетических вариантов отличается от ранее опубликованных данных по локусам, ассоциированным с живой массой: *OAR9* – 11 SNPs, *OAR5* – 10 SNPs, *OAR2* – 6 SNPs, *OAR3* и *OAR6* – по 5 SNPs, *OAR1* и *OAR17* – по 3 SNPs, *OAR11*, *OAR12* и *OAR21* – по 2 SNPs, по одному SNP – на *OAR7*, *OAR13*, *OAR15*, *OAR23* и *OAR24*. Аннотирование, проведенное в геномном браузере Ensembl, показало, что 30% SNPs попали в интроны ряда генов: 13% – в 3'-область, 36% – в 5'-область генов, 7% составили межгенные участки и для 13% вари-

антов не обнаружено информации в базе данных Ensembl.

Выявленные полиморфизмы позволили отобрать десять генов-кандидатов на основании значения $F_{st} \geq 0.55$ и локализации в пределах определенного гена (*LY6D*, *FAM114A1*, *U6*, *NDFIP1*, *LRRC1* и 5 генов *ENSOARG*, белковые продукты которых еще не изучены). Эффект каждого гена-кандидата на показатель живой массы у южной мясной породы был исследован по всей выборке: по трем генотипам каждого гена рассчитаны средняя живая масса и стандартное отклонение, а также определены уровни значимости различий между средними (p) путем попарного сравнения масс у представителей разных генотипов.

Было установлено, что все отобранные гены-кандидаты влияют на исследуемый показатель живой массы. Наименьший уровень статистической значимости различий между средними значениями живой массы демонстрирует ген *FAM114A1* ($p = 0.012$), для которого разница в живой массе между овцами с генотипами *GG* и *AA* составила 9.85 кг, однако и он находится в диапазоне достоверных различий $p < 0.05$. Предпочтительными генотипами, дающими носителям преимущество в живой массе 7.47–12.5 кг, по генам *ENSOARG00020003076*, *LY6D* и *ENSOARG00020017606* являются гомозиготы *AA*. По генам *FAM114A1*, *ENSOARG00020014128*, *ENSOARG00020002577*, *U6*, *NDFIP1* (два полиморфизма) и *LRRC1* носители генотипов *GG* имеют среднюю живую массу больше на 8.67–12.31 кг по сравнению с остальными генотипами ($p = 0.00026$ – 0.0062).

Функционал белковых продуктов генов-кандидатов весьма разнообразен: участие в развитии и функционировании нервной системы (*LRRC1*, *SEZ6L*, *FAM114A1*), формирование и функцио-

нирование иммунитета (*LY6D*, *NDFIP1*), участие в сплайсинге (*мяРНКУ6*).

Гены-кандидаты живой массы, выявленные в ходе исследования, могут быть рекомендованы, в качестве маркеров для селекционной работы с овцами южной мясной породы. Ген *NDFIP1*, в котором выявлено два генетических варианта, дающих гомозиготам преимущество в живой массе ≈ 9 – 12 кг заслуживает дальнейшего внимательного изучения. Грамотная селекция, учитывающая представленные в данной работе результаты, позволит не только повысить рентабельность мясной отрасли овцеводства, но и сохранить южную мясную породу овец, хорошо адаптированную к условиям юга России.

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

Все применимые международные, национальные и/или институциональные принципы ухода и использования животных были соблюдены.

Авторы заявляют, что у них нет конфликта интересов.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Ульянов А.Н., Куликова А.Я., Баши С.Н. и др. Южная мясная порода овец // Овцы, козы, шерстяное дело. 2010. № 2. С. 65–69.
2. Gholizadeh M., Rahimi-Mianji G., Nejati-Javaremi A. Genome-wide association study of body weight traits in Baluchi sheep // J. of Genetics. 2015. V. 94. P. 143–146.
<https://doi.org/10.1007/s12041-015-0469-1>
3. Marees A.T., de Kluiver H., Stringer S. et al. A tutorial on conducting genome-wide association studies: Quality control and statistical analysis // Int. J. of Meth. in Psych. Res. 2018. V. 27. № 2.
<https://doi.org/10.1002/mp.1608>

Search for Candidate Genes for Live Weight in Southern Meat Breed Sheep

V. S. Shevtsova^{a, b, *}, A. Ya. Kulikova^c, L. V. Getmantseva^d, and A. V. Usatov^a

^aSouthern Federal University, Rostov-on-Don, 344000 Russia

^bSouthern scientific center, Rostov-on-Don, 344006 Russia

^cScientific Krasnodar Centre for Animal Husbandry and Veterinary Medicine, Krasnodar, 350055 Russia

^dDon State Agrarian University, Rostov oblast, Persianovski set., 346493 Russia

*e-mail: barbaragen4@mail.ru

The paper presents the results of candidate genes search for live weight in southern meat sheep breed. The sample of 48 ewes weighed in the age of 24 months and elder was genotyped on Ovine SNP 50 Genotyping BeadChip array. Using a fixation in dices method (F_{st}), we detected 55 polymorphisms associated with live weight. 10 SNP with the highest F_{st} value were selected to check the effect on the trait under investigation. All the candidate genes showed the association with live weight trait. It's interesting to note that in the *NDFIP1* gene there were detected two significant SNPs with a high F_{st} value.

Keywords: sheep, polymorphisms, live weight, fixation indices.