

Т.А. Ларкина ✉
Г.К. Пегливанян
О.Ю. Баркова
А.В. Габова
Н.В. Дементьева

Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных — филиал ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр животноводства — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста», Пушкин, Санкт-Петербург, Россия

✉ tanya.larkina2015@yandex.ru

Поступила в редакцию: 31.03.2025

Одобрена после рецензирования: 11.07.2025

Принята к публикации: 26.07.2025

© Ларкина Т.А., Пегливанян Г.К., Баркова О.Ю., Габова А.В., Дементьева Н.В.

Tanya A. Larkina ✉
Grigory K. Peglivanyan
Olga Yu. Barkova
Alina V. Gabova
Natalia V. Dementieva

All-Russian Research Institute of Genetics and Breeding of Farm Animals — branch of the L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry, Pushkin, St. Petersburg, Russia

✉ tanya.larkina2015@yandex.ru

Received by the editorial office: 31.03.2025

Accepted in revised: 11.07.2025

Accepted for publication: 26.07.2025

© Larkina T.A., Peglivanyan G.K., Barkova O.Yu., Gabova A.V., Dementieva N.V.

Определение уровня экспрессии гена LCORL в мышечной ткани северных оленей

РЕЗЮМЕ

В результате работы проведен всесторонний анализ связи транскрипционной активности гена LCORL в поперечной грудной мышце домашнего северного оленя ненецкой породы с его убойной массой.

Сравнительный анализ уровня относительной экспрессии гена LCORL в исследуемой ткани у оленей в различных группах по признаку «убойная масса» показал, что ген LCORL высоко экспрессируется в группе убойной массы 50,2–59,2 кг (Median = 0,367), а самое низкое значение экспрессии в группе оленей 60,2–75,0 кг (Median = 0,036). Анализ литературных источников выявил, что тканеспецифическая экспрессионная активность гена LCORL с учетом весовых характеристик оленей ранее не изучалась. Результаты настоящего исследования предоставляют новую информацию об особенностях экспрессии гена LCORL у домашних северных оленей ненецкой породы с учетом тканеспецифичности и убойной массы.

Анализ корреляционных связей с применением критерия Спирмена не выявил разнонаправленную зависимость уровня относительной экспрессии гена LCORL в образцах поперечной грудной мышцы с убойной массой оленей разных групп, что, видимо, может быть обусловлено особенностями выборки оленей.

Ключевые слова: мРНК, экспрессия, LCORL, домашний северный олень, ненецкая порода, убойная масса

Для цитирования: Ларкина Т.А. и др. Определение уровня экспрессии гена LCORL в мышечной ткани северных оленей. *Аграрная наука*. 2025; 397 (08): 52–57. <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-397-08-52-57>

Determination of the expression level of the LCORL gene in reindeer muscle tissue

ABSTRACT

As a result of the work, a comprehensive analysis of the connection of the transcriptional activity of the LCORL gene in the transverse breast muscle of the northern deer of the Nenetskaya breed with its slaughter mass was carried out.

A comparative analysis of the level of relative expression of the LCORL gene in the studied fabric in deer in various groups on the basis of “slaughter mass” showed that the LCORL gene is highly expressed in the slaughter group of 50.2–59.2 kg (Median = 0.367), and the lowest expression in the deer group 60.2–75.0 kg (Median = 0.036). The analysis of literary sources revealed that the tissue expression of the LCORL gene, taking into account the weight characteristics of the deer, was not previously studied. The results of this study provide new information about the features of the expression of the LCORL gene in the northern reindeer of the Nenetsk breed, taking into account tissue -specificity and letters.

An analysis of correlation ties using the Dersman criterion did not reveal a multidirectional dependence of the level of relative expression of the LCORL gene in samples of the transverse chest muscle with a slaughter mass of deer of different groups, which can apparently be due to the features of the sample of deer.

Key words: mRNA, expression, LCORL, domestic reindeer, Nenets breed, slaughter weight

For citation: Larkina T.A. et al. Determination of the expression level of the LCORL gene in reindeer muscle tissue. *Agrarian science*. 2025; 397 (08): 52–57 (in Russian). <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-397-08-52-57>

Введение/Introduction

Оленеводство является исконной отраслью и важнейшим видом животноводства малочисленных коренных народов Севера [1]. Селекция и племенная работа в оленеводстве ведется традиционными методами, включающими в себя специфическую культуру, а также большой опыт разведения северных оленей в различных ландшафтных зонах с климатическими особенностями [2].

Ненецкая аборигенная порода северных оленей — самая большая в России и мире по численности (950 тыс. голов) и используемой пастбищной территории (110 млн га) [3]. Данную породу разводят на территории Мурманской области (Кольский п-ов), Ненецкого автономного округа (АО), Республики Коми, Ямало-Ненецкого, Ханты-Мансийского и Таймырского (Долгано-Ненецкого) автономных округов. Олени этой породы средней величины с достаточно хорошо выраженными рабочими качествами. Они отлично адаптируются к местным природно-климатическим условиям [4].

Домашние северные олени живут на полувольном выпасе, питаются теми же кормами, что и дикие сородичи, однако используют кормовые ресурсы более полно, поскольку не совершают длительных миграций. Макдевитт с соавт. выделяет несколько экотипов внутри ненецкой породы, разделение основано на сроках отела, особенностях телосложения, живой массе, окраске [5].

Исследования по биоразнообразию и генетической структуре ненецкой породы активно ведутся в России [6, 7]. Актуальным становится изучение генов, участвующих в формировании продуктивных качеств домашнего северного оленя ненецкой породы. Анализ основополагающих механизмов экспрессии генов, вовлеченных в определение размеров тела, позволяет глубже понять их вклад в формирование морфологических характеристик организма на протяжении всего периода его индивидуального развития.

LCORL (ligand dependent nuclear receptor corepressor-like) — лиганд-зависимый ядерный рецептор, подобный корепрессору, является транскрипционным фактором и использует консервативный мотив спираль-поворот-спираль для связывания с ДНК. Активно функционирует при сперматогенезе и является одним из важнейших генов, который определяет рост и массу тела у животных [8–16].

Для дальнейших научных интерпретаций будет использоваться референсный геном белохвостого оленя (*Odocoileus virginianus texanus*) на платформе <https://ncbi.nlm.nih.gov>, так как в базах данных отсутствует последовательность полного генома северного оленя (*Rangifer tarandus*). Ген *LCORL* белохвостого оленя имеет общую протяженность

180 749 п. н. и состоит из 14 экзонов. Из них наиболее протяженным и информативным является экзон 7 — 4812 п. н. (1604 аминокислот), остальные экзоны имеют существенно более низкую протяженность (8 — 88 п. н., 6 — 93 п. н., 5 — 252 п. н., 4 — 132 п. н., 3 — 81 п. н., 2 — 63 п. н., 1 — 614 п. н.) [17].

Цель исследования — анализ уровня экспрессии гена *LCORL* в поперечной грудной мышце домашнего северного оленя ненецкой породы в связи с убойной массой животных.

Материалы и методы исследования / Materials and methods

Исследование проводили в лаборатории молекулярной генетики Всероссийского НИИ генетики и разведения сельскохозяйственных животных — филиала ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр животноводства — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста (г. Пушкин, г. Санкт-Петербург, Россия).

Материалом для исследований послужила мРНК, выделенная из поперечной грудной мышцы домашнего северного оленя ненецкой породы ($n = 49$) обоих полов, возраст животных 5–7 лет в момент набора максимальной живой массы (после гона). Данные об убойной массе получены с заготовительных пунктов п-ва Ямал (Тазовский р-н Ямало-Ненецкого автономного округа Тюменской области Российской Федерации) в 2023 году.

Общая выборка животных была разделена по полу на быков и важенок. Выборки по полу животных разделили на группы по убойной массе (в кг): 30,8–39,9; 40,4–49,6; 50,2–59,2; 60,2–75,0.

Сбор образцов тканей поперечной грудной мышцы проводили после убоя путем отделения части ткани с помощью скальпеля. Образцы помещали в стабилизирующий раствор «Фиксатор IntactRNA для стабилизации РНК в биологических образцах» («Евроген», Россия). Выделение РНК и ДНК проводили с использованием коммерческого набора «ЛИРА+» для выделения РНК, ДНК и белков (ООО «Биолабмикс», Россия).

В качестве эндогенного контроля использовали референсный ген домашнего хозяйства *GAPDH* (Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase). Дизайн праймеров для генов *LCORL* и *GAPDH* осуществляли при помощи базы данных NCBI с использованием программы BLAST¹ (США).

Последовательность праймеров (ООО «Бигль», Санкт-Петербург) представлена в таблице 1.

Конвертирование РНК в кДНК проводили с использованием коммерческого набора «Обратная

Таблица 1. Праймеры для генов *LCORL* и *GAPDH*
Table 1. Primers for *LCORL* and *GAPDH* genes

Ген	F (прямой праймер)	RV (обратный праймер)	Длина фрагмента п. н.
<i>LCORL</i>	TCTTAGCAAACCTGAACAAAA	GCCAAGAAATTAGATTGTCCA	148
<i>GAPDH</i>	GGAGCACGAGAGGAAGAGAGTT	ACAAGGCAGGGCTCCCTAAG	146

¹ <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>

транскриптаза M-MuLV — RN» (ООО «Биолаб-микс», Россия). Реакцию ПЦР в реальном времени (ПЦР-РВ) для каждого образца проводили в трех повторах с применением реагентов «БиоМастер HS-qPCR SYBR Blue(2x)» (ООО «Биолабмикс», Россия) на приборе IQ5 (Bio-Rad, США) с использованием программного обеспечения прибора.

Режим амплификации кДНК:
 95 °C — 5 мин. — 1 цикл
 95 °C — 15 сек. — 40 циклов
 60 °C — 15 сек. — 40 циклов
 72 °C — 30 сек. — 40 циклов

Расчет изменений экспрессии гена *LCORL* выполняли методом $-2\Delta\Delta Ct$ (delta delta Cycle threshold) [18]. Статистическую обработку данных проводили в программе SIGMAPLOT 14 с применением ANOVA by ranks и критерия Крускала — Уоллиса (США), который предназначен для проверки равенства медиан нескольких выборок, при ненормальном распределении показателей признака. Известен и под названиями Н-критерий Крускала — Уоллиса, однофакторный дисперсионный анализ Крускала — Уоллиса (англ. Kruskal — Wallis one-way analysis of variance).

Мощность выполненного теста альфа = 0,050 : 0,109.

Корреляционный анализ выполнен с применением критерия Спирмена.

Результаты и обсуждение / Results and discussion

Проведено исследование транскрипционной активности гена *LCORL* в поперечной грудной мышце домашнего северного оленя ненецкой породы с подтверждением связи относительного уровня экспрессии и убойной массы животных (табл. 2).

Самый высокий уровень относительной экспрессии гена *LCORL* в поперечной грудной мышце наблюдали в исследуемой группе оленей с убойной массой 40,4–49,6 кг в образце 42 (10,34008), а самый минимальный — в группе 30,8–39,9 кг в образце 16 (0,00002).

На рисунке 1 каждый столб отражает уровень экспрессии гена *LCORL* в отдельном образце поперечной грудной мышцы домашних северных оленей ненецкой породы.

Анализ корреляционных связей с применением критерия Спирмена не выявил разнонаправленную зависимость уровня относительной экспрессии гена *LCORL* в образцах поперечной грудной мышцы с убойной массой оленей разных групп, что, видимо, может быть обусловлено особенностями выборки оленей.

На следующем этапе данного исследования провели сравнительный анализ уровня относительной экспрессии гена *LCORL* в исследуемой ткани у оленей разных групп по убойной массе. Результаты показали, что ген *LCORL* высоко

Таблица 2. Данные по уровню экспрессии гена *LCORL* в исследуемой ткани в различных группах домашнего северного оленя ненецкой породы

Table 2. Data on the level of *LCORL* gene expression in the studied tissue in different groups of domestic reindeer of the Nenets breed

Группы животных по убойной массе, обоих полов, кг (n = 49)	№ образца	Убойная масса, кг	Среднее Ct_{LCORL}	Уровень относительной экспрессии ($2^{-\Delta\Delta Ct}$)
30,8–39,9 (n = 12)	13	30,8	3,11	0,17922
	19	32,2	26,81	0,0254
	34	34,2	14,59	0,1231
	16	35,4	21,8	0,00002
	5	35,8	24,73	1,52165
	1	36,4	28,08	0,08429
	35	36,8	10,94	7,853
	33	37,4	9,00	0,05993
	32	38,2	19,98	0,00098
	10	38,4	29,62	0,65109
	18	39,2	32,44	0,0052
	46	39,9	25,80	0,00174
40,4–49,6 (n = 15)	3	40,4	23,57	2,41333
	29	40,8	15,21	0,00189
	24	42,2	19,39	0,00028
	23	42,4	10,88	0,05113
	37	42,8	22,16	0,07617
	42	44,8	12,1	10,34008
	4	45	24,54	1,85282
	12	45,4	12,5	0,02234
	38	46,2	6,36	2,29555
	11	46,6	6,17	4,77771
	28	46,6	21,1	0,00258
	15	47,4	19,89	0,00103
	49	48,8	16,07	1,71915
	47	49,2	22,96	0,00613
	31	49,6	19,63	0,00235
50,2–59,2 (n = 15)	25	50,2	1,47	0,71936
	50	50,2	14,95	0,74335
	8	51,6	33	0,36705
	9	53,6	32,61	0,64118
	43	54,6	11,89	6,96065
	21	54,8	21,51	0,00016
	14	55	21,17	0,00061
	30	56,4	11,27	0,03099
	39	57,6	6,57	0,57985
	48	57,6	14,2	1,6347
	45	58	21,64	0,01373
	17	58,4	27,2	0,06898
40	58,6	6,35	8,47259	
41	59	24,66	0,00376	
20	59,2	11,03	0,01216	
60,2–75 (n = 7)	44	60,2	21,12	0,0357
	22	61,2	15,61	0,00102
	36	62	8,62	0,40118
	26	62,3	12,84	0,00687
	27	65,4	12,06	0,03041
	2	66,6	23,3	0,86575
6	75	2,07	1,46489	

Рис. 1. Уровень относительной экспрессии гена *LCORL* в образцах поперечной грудной мышцы домашних северных оленей ненецкой породы

Fig. 1. Relative expression level of the *LCORL* gene in transverse pectoral muscle samples of domestic Nenets reindeer оленей ненецкой породы

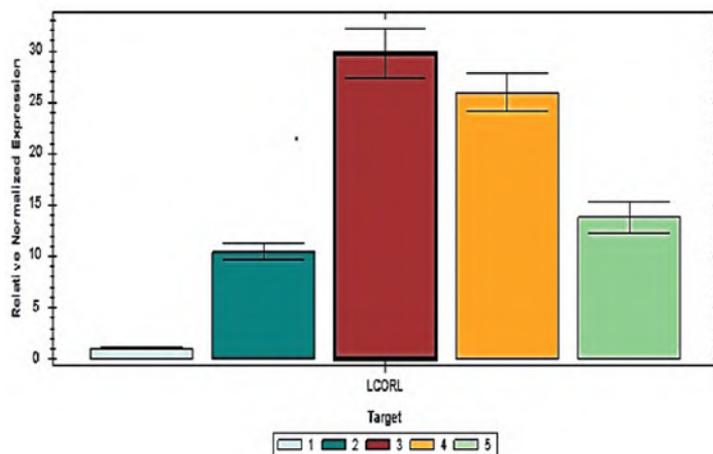


Таблица 3. Различия уровня экспрессии гена *LCORL* в исследуемой ткани в группах оленей, разделенных по убойной массе и полу

Table 3. Differences in the expression level of the *LCORL* gene in the studied tissue in groups of deer divided by slaughter weight and sex of animals

Пол	1 30,8–39,9, кг (n = 12)		2 40,4–49,6, кг (n = 15)		3 50,2–59,2, кг (n = 15)	4 60,2–75, кг (n = 7)
	Важенки n = 10	Быки n = 2	Важенки n = 9	Быки n = 6	Быки n = 15	Быки n = 7
Mean ± Std. Err. 2-ΔΔCT	1,050 ± 0,771	0,003 ± 0,002	1,277 ± 0,561	2,012 ± 1,689	1,350 ± 0,681	0,401 ± 0,215
Median 2-ΔΔCT	0,104	0,003	0,076	0,004	0,367	0,036

Примечание: Mean — среднее значение, Std. Err. — стандартная ошибка, Median — медиана.

экспрессируется в группе убойной массы 50,2–59,2 кг (Median = 0,367), а самое низкое значение экспрессии — в группе оленей 60,2–75 кг (Median = 0,036) (табл. 3). Выявлено, что во второй группе по убойной массе наблюдаются высокие средние значения уровня относительной экспрессии 1,277 ± 0,561 у важенок и 2,012 ± 1,689 у быков.

Анализ литературных источников показал, что тканеспецифическая экспрессионная активность гена *LCORL* с учетом весовых характеристик

оленей ранее не изучалась. Результаты настоящего исследования предоставляют новую информацию об особенностях экспрессии гена *LCORL* у домашних северных оленей ненецкой породы с учетом тканеспецифичности и убойной массы. Обнаружение вариантов генетического полиморфизма в кодирующих областях гена *LCORL* и анализ частот встречаемости аллелей между особями дикого типа и мутантного подтверждают влияние генетической изменчивости данного локуса на фенотипическую изменчивость показателей роста и размера тела у северных оленей [19].

Таким образом, следующим этапом в исследовании станет поиск новых полиморфизмов в экзонах гена *LCORL* и их связи с убойной массой домашних северных оленей.

Выводы/ Conclusions

Впервые было выявлено, что ген *LCORL* экспрессируется в поперечной грудной мышце исследуемых групп домашнего северного оленя ненецкой породы. Наибольший уровень экспрессии был зафик-

сирован для группы оленей с убойным весом 50,2–59,2 кг (Median = 0,367), а наименьший — в группе 60,2–75 кг (Median = 0,036) (по медиане). Во второй группе по убойной массе (40,4–49,6 кг) наблюдаются высокие средние значения уровня относительной экспрессии гена *LCORL* 1,277 ± 0,561 у важенок и 2,012 ± 1,689 у быков, что говорит о стремительных темпах скорости роста и набора мышечной массы до момента, пока особи не достигли максимальных значений по весу.

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

Работа выполнена при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования РФ по теме № 124020200114-7.

FUNDING

The research was carried out with the financial support of the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation on the topic No. 124020200114-7.

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

- Южаков А.К., Лайшев К.А. Особенности роста и формирования телосложения северных оленей ненецкой породы. *Международный вестник ветеринарии*. 2022; (2): 104–111. <https://doi.org/10.52419/issn2072-2419.2022.2.104>
- Митюков А.С., Канева Л.А., Жариков Я.А. Вероятные направления производства мяса в северных регионах Российской Федерации. *Известия Санкт-Петербургского государственного аграрного университета*. 2015; 39: 129–131. <https://www.elibrary.ru/uxwmcf>

REFERENCES

- Yuzhakov A.A., Laishev K.A. Features of the growth and formation of the physique of nenets reindeer from birth to puberty. *International Journal of Veterinary Medicine*. 2022; (2): 104–111 (in Russian). <https://doi.org/10.52419/issn2072-2419.2022.2.104>
- Mityukov A.S., Kaneva L.A., Zharikov Ya.A. Likely avenues of meat production in the northern regions of the Russian Federation. *Izvestiya Saint-Petersburg State Agrarian University*. 2015; 39: 129–131 (in Russian). <https://www.elibrary.ru/uxwmcf>

3. Логинов В.Г. Оленеводство как базовая отрасль традиционного сектора АПК Севера. *Аграрный вестник Урала*. 2014; (11): 74–77.
<https://www.elibrary.ru/tajscb>
4. Южаков А.А., Романенко Т.М., Лайшев К.А. Феногеографическая изменчивость северных оленей ненецкой породы. *Известия Санкт-Петербургского государственного аграрного университета*. 2017; 47: 115–122.
<https://www.elibrary.ru/zbezqx>
5. McDevitt A.D. *et al.* Survival in the Rockies of an endangered hybrid swarm from diverged caribou (*Rangifer tarandus*) lineages. *Molecular Ecology*. 2009; 18(4): 665–679.
<https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2008.04050.x>
6. Денискова Т.Е. *и др.* Генетическая характеристика региональных популяций ненецкой породы северного оленя (*Rangifer tarandus*). *Сельскохозяйственная биология*. 2018; 53(6): 1152–1161.
<https://doi.org/10.15389/agrobiology.2018.6.1152rus>
7. Харзинова В.Р., Зиновьева Н.А. Применение микросателлитов в популяционно-генетических исследованиях северного оленя (*Rangifer tarandus*) (обзор). *Аграрная наука Евро-Северо-Востока*. 2024; 25(4): 525–537.
<https://doi.org/10.30766/2072-9081.2024.25.4.525-537>
8. Metzger J., Schrimpf R., Philipp U., Distl O. Expression Levels of *LCORL* Are Associated with Body Size in Horses. *PLoS ONE*. 2013; 8(2): e56497.
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0056497>
9. Soranzo N. *et al.* Meta-Analysis of Genome-Wide Scans for Human Adult Stature Identifies Novel Loci and Associations with Measures of Skeletal Frame Size. *PLoS Genetics*. 2009; 5(4): e1000445.
<https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1000445>
10. Lindholm-Perry A.K. *et al.* Association, effects and validation of polymorphisms within the *NCAPG-LCORL* locus located on BTA6 with feed intake, gain, meat and carcass traits in beef cattle. *BMC Genetics*. 2011; 12: 103.
<https://doi.org/10.1186/1471-2156-12-103>
11. Rubin C.-J. *et al.* Strong signatures of selection in the domestic pig genome. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2012; 109(48): 19529–19536.
<https://doi.org/10.1073/pnas.1217149109>
12. Al-Mamun H.A., Kwan P., Clark S.A., Ferdosi M.H., Tellam R., Gondro C. 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. *Genetics Selection Evolution*. 2015; 47: 66.
<https://doi.org/10.1186/s12711-015-0142-4>
13. Takasuga A. *PLAG1* and *NCAPG-LCORL* in livestock. *Animal Science Journal*. 2016; 87(2): 159–167.
<https://doi.org/10.1111/asj.12417>
14. Lyu S., Arends D., Nassar M.K., Brockmann G.A. Fine mapping of a distal chromosome 4 QTL affecting growth and muscle mass in a chicken advanced intercross line. *Animal Genetics*. 2017; 48(3): 295–302.
<https://doi.org/10.1111/age.12532>
15. Larkina T.A. *et al.* Evolutionary Subdivision of Domestic Chickens: Implications for Local Breeds as Assessed by Phenotype and Genotype in Comparison to Commercial and Fancy Breeds. *Agriculture*. 2021; 11(10): 914.
<https://doi.org/10.3390/agriculture11100914>
16. Han Y.J., Chen Y., Liu Y., Liu X.L. Sequence variants of the *LCORL* gene and its association with growth and carcass traits in Qinchuan cattle in China. *Journal of Genetics*. 2017; 96(1): 9–17.
<https://doi.org/10.1007/s12041-016-0732-0>
17. Betsha M.W. *et al.* Sequencing of reindeer (*Rangifer tarandus*) genomes: insights into evolution, domestication and adaptation. *Bioinformatics of genome regulation and structure/systems biology (BGRS/SB-2018). The 11th International conference*. Novosibirsk: Institute of Cytology and Genetics, Siberian Branch of Russian Academy of Sciences. 2018; 198.
<https://doi.org/10.18699/BGRSSB-2018-168>
18. Weldenegodguad M. *et al.* Genome sequence and comparative analysis of reindeer (*Rangifer tarandus*) in northern Eurasia. *Scientific Reports*. 2020; 10: 8980.
<https://doi.org/10.1038/s41598-020-65487-y>
19. Livak K.J., Schmittgen T.D. Analysis of Relative Gene Expression Data Using Real-Time Quantitative PCR and the $2^{-\Delta\Delta CT}$ Method. *Methods*. 2001; 25(4): 402–408.
<https://doi.org/10.1006/meth.2001.1262>
20. Крутикова А.А., Баркова О.Ю. Анализ полиморфизма гена лиганд-зависимого ядерного рецептора типа корепрессора северного оленя. *Международный вестник ветеринарии*. 2020; (4): 111–115.
<https://doi.org/10.17238/issn2072-2419.2020.4.111>
3. Loginov V.G. Reindeer husbandry as a basic branch of the North's traditional agricultural sector. *Agrarian Bulletin of the Urals*. 2014; (11): 74–77 (in Russian).
<https://www.elibrary.ru/tajscb>
4. Yuzhakov A.A., Romanenko T.M., Laishev K.A. Genogeographic variability reindeer Nenets breed. *Izvestiya Saint-Petersburg State Agrarian University*. 2017; 47: 115–122 (in Russian).
<https://www.elibrary.ru/zbezqx>
5. McDevitt A.D. *et al.* Survival in the Rockies of an endangered hybrid swarm from diverged caribou (*Rangifer tarandus*) lineages. *Molecular Ecology*. 2009; 18(4): 665–679.
<https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2008.04050.x>
6. Deniskova T.E. *et al.* Genetic characteristics of regional populations of Nenets reindeer breed (*Rangifer tarandus*). *Agricultural Biology*. 2018; 53(6): 1152–1161.
<https://doi.org/10.15389/agrobiology.2018.6.1152eng>
7. Kharzinova V.R., Zinovieva N.A. Application of microsatellites in population genetic studies of reindeer (*Rangifer tarandus*) (review). *Agricultural Science Euro-North-East*. 2024; 25(4): 525–537 (in Russian).
<https://doi.org/10.30766/2072-9081.2024.25.4.525-537>
8. Metzger J., Schrimpf R., Philipp U., Distl O. Expression Levels of *LCORL* Are Associated with Body Size in Horses. *PLoS ONE*. 2013; 8(2): e56497.
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0056497>
9. Soranzo N. *et al.* Meta-Analysis of Genome-Wide Scans for Human Adult Stature Identifies Novel Loci and Associations with Measures of Skeletal Frame Size. *PLoS Genetics*. 2009; 5(4): e1000445.
<https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1000445>
10. Lindholm-Perry A.K. *et al.* Association, effects and validation of polymorphisms within the *NCAPG-LCORL* locus located on BTA6 with feed intake, gain, meat and carcass traits in beef cattle. *BMC Genetics*. 2011; 12: 103.
<https://doi.org/10.1186/1471-2156-12-103>
11. Rubin C.-J. *et al.* Strong signatures of selection in the domestic pig genome. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2012; 109(48): 19529–19536.
<https://doi.org/10.1073/pnas.1217149109>
12. Al-Mamun H.A., Kwan P., Clark S.A., Ferdosi M.H., Tellam R., Gondro C. 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. *Genetics Selection Evolution*. 2015; 47: 66.
<https://doi.org/10.1186/s12711-015-0142-4>
13. Takasuga A. *PLAG1* and *NCAPG-LCORL* in livestock. *Animal Science Journal*. 2016; 87(2): 159–167.
<https://doi.org/10.1111/asj.12417>
14. Lyu S., Arends D., Nassar M.K., Brockmann G.A. Fine mapping of a distal chromosome 4 QTL affecting growth and muscle mass in a chicken advanced intercross line. *Animal Genetics*. 2017; 48(3): 295–302.
<https://doi.org/10.1111/age.12532>
15. Larkina T.A. *et al.* Evolutionary Subdivision of Domestic Chickens: Implications for Local Breeds as Assessed by Phenotype and Genotype in Comparison to Commercial and Fancy Breeds. *Agriculture*. 2021; 11(10): 914.
<https://doi.org/10.3390/agriculture11100914>
16. Han Y.J., Chen Y., Liu Y., Liu X.L. Sequence variants of the *LCORL* gene and its association with growth and carcass traits in Qinchuan cattle in China. *Journal of Genetics*. 2017; 96(1): 9–17.
<https://doi.org/10.1007/s12041-016-0732-0>
17. Betsha M.W. *et al.* Sequencing of reindeer (*Rangifer tarandus*) genomes: insights into evolution, domestication and adaptation. *Bioinformatics of genome regulation and structure/systems biology (BGRS/SB-2018). The 11th International conference*. Novosibirsk: Institute of Cytology and Genetics, Siberian Branch of Russian Academy of Sciences. 2018; 198.
<https://doi.org/10.18699/BGRSSB-2018-168>
18. Weldenegodguad M. *et al.* Genome sequence and comparative analysis of reindeer (*Rangifer tarandus*) in northern Eurasia. *Scientific Reports*. 2020; 10: 8980.
<https://doi.org/10.1038/s41598-020-65487-y>
19. Livak K.J., Schmittgen T.D. Analysis of Relative Gene Expression Data Using Real-Time Quantitative PCR and the $2^{-\Delta\Delta CT}$ Method. *Methods*. 2001; 25(4): 402–408.
<https://doi.org/10.1006/meth.2001.1262>
20. Krutikova A.A., Barkova O.Yu. Analysis of the ligand-dependent nuclear receptor gene of corepressor type polymorphism in reindeer. *International Journal of Veterinary Medicine*. 2020; (4): 111–115 (in Russian).
<https://doi.org/10.17238/issn2072-2419.2020.4.111>

ОБ АВТОРАХ**Татьяна Александровна Ларкина**

кандидат биологических наук, младший научный сотрудник
tanya.larkina2015@yandex.ru
<https://orcid.org/0000-0003-4574-4639>

Григорий Карпетович Пегливанян

младший научный сотрудник
peglivanian_grig@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0001-5194-4851>

Ольга Юрьевна Баркова

кандидат биологических наук, старший научный сотрудник
barkoffws@list.ru
<https://orcid.org/0000-0002-0963-905X>

Алина Валерьевна Габова

лаборант-исследователь, магистр
alina.gabova7@yandex.ru
<https://orcid.org/0009-0007-6039-6958>

Наталья Викторовна Дементьева

кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник
dementevan@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0003-0210-9344>

Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных — филиал Федерального исследовательского центра животноводства «ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста», Московское шоссе, 55А, Пушкин, Санкт-Петербург, 196601, Россия

ABOUT THE AUTHORS**Tatyana Aleksandrovna Larkina**

Candidate of Biological Sciences, Junior Researcher
tanya.larkina2015@yandex.ru
<https://orcid.org/0000-0003-4574-4639>

Grigory Karapetovich Peglivanyan

Junior Researcher
peglivanian_grig@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0001-5194-4851>

Olga Yurievna Barkova

Candidate of Biological Sciences, Senior Researcher
barkoffws@list.ru
<https://orcid.org/0000-0002-0963-905X>

Alina Valerievna Gabova

Laboratory Researcher, Master's Degree
alina.gabova7@yandex.ru
<https://orcid.org/0009-0007-6039-6958>

Natalia Viktorovna Dementieva

Candidate of Biological Sciences, Leading Researcher
dementevan@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0003-0210-9344>

Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding — Branch of the L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry,

55A Moscow highway, Pushkin, St. Petersburg, 196601, Russia



AGROCON

Найди себя в АГРО

Крупнейшая межуниверситетская
выставка-форум АПК для
молодёжи



agrocon.pro

17 ОКТЯБРЯ | ул. МИКЛУХО-МАКЛЯ, д.6
РУДН