

Федеральный исследовательский
центр животноводства — ВИЖ
им. академика Л.К. Эрнста, Подольск,
Московская обл., Россия

✉ horarka@yandex.ru

Поступила в редакцию: 05.05.2025

Одобрена после рецензирования: 11.09.2025

Принята к публикации: 26.09.2025

© Денискова Т.Е.

L.K. Ernst Federal Research Center for
Animal Husbandry, Dubrovitsy, Podolsk
Municipal District, Moscow Region,
Russia

✉ horarka@yandex.ru

Received by the editorial office: 05.05.2025

Accepted in revised: 11.09.2025

Accepted for publication: 26.09.2025

© Deniskova T.E.

Идентификация QTL, локализованных в регионах гомозиготности у пород овец, разводимых в России

РЕЗЮМЕ

Актуальность. Лocusы количественных признаков (QTL) представляют собой геномные регионы, влияющие на экономически значимые характеристики овец. Изучение распределения QTL в геномах пород овец, разводимых в России, пересекающихся с регионами селекции, актуально для углубления понимания генетических механизмов, лежащих в основе их фенотипической вариативности.

Методы. Материалом для исследования служили полногеномные SNP-профили 10 пород овец, включающие 42230 SNP и сгенерированные с помощью биочипов OvineSNP50 BeadChip и Ovine Infinium HD BeadChip (Illumina, США). Фильтрация и контроль качества генотипирования были выполнены с использованием PLINK v1.90. В качестве индикаторов островков гомозиготности (ROH) в геноме овец были отобраны перекрывающиеся гомозиготные сегменты (ROH) с минимальной длиной 0,3 Мб, общие более чем для 50% образцов внутри породы. Анализ совпадений геномных координат островков гомозиготности с QTL был проведен с использованием базы Sheep QTLdb.

Результаты. Выявлено, что 58 уникальных QTL были локализованы внутри островков гомозиготности у 10 пород овец. Наиболее часто встречающимися показателями были живая масса (10,34%), масса жира в туше (8,62%), вес парной туши¹ (6,9%), количество молока (удой) (6,9%). В островках ROH буубэй и карагеевской породы был выявлен QTL 127011, ассоциированный с отложением жира в области хвоста. Большая группа QTL, расположенных в островках ROH, была выявлена в экспериментах по картированию QTL, ассоциированных с молочной и мясной продуктивностью, в ресурсных популяциях.

Ключевые слова: генотипирование, островки гомозиготности, ДНК-чипы, локальные породы овец, QTL, экономически значимые признаки

Для цитирования: Денискова Т.Е. Идентификация QTL, локализованных в регионах гомозиготности у пород овец, разводимых в России. *Аграрная наука*. 2025; 399(10): 102–109.

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-399-10-102-109>

Identification of QTL localized in the runs of homozygosity in sheep breeds raised in Russia

ABSTRACT

Relevance. Quantitative trait loci (QTL) are genomic regions that influence economically significant traits of sheep. Addressing the QTL distribution in the genomes of sheep breeds raised in Russia, overlapping with selection signatures, is relevant for deepening the understanding of the genetic mechanisms underlying their phenotypic variability.

Methods. The materials for the study were genome-wide SNP profiles of ten sheep breeds that included 42,230 SNPs and were generated using the OvineSNP50 BeadChip and Ovine Infinium HD BeadChip Arrays (Illumina, USA). Genotyping quality control and filtering were performed using PLINK v1.90. Overlapping homozygous segments (ROH) with a minimum length of 0.3 MB, common to more than 50% of the samples within the breed, were selected as indicators of islands of homozygosity (ROH) in the sheep genome. Matching analysis of the genomic coordinates of the runs of homozygosity islands with QTL was performed using the Sheep QTLdb database.

Results. We found that 58 unique QTL were localized within the runs of homozygosity islands in ten sheep breeds. The most frequent traits body weight (10.34%), fat weight in carcass (8.62%), hot carcass weight (6.9%), and milk yield (6.9%).

QTL #127011 associated with fat deposition in tail was identified in the ROH islands in Buubei and Karachay breeds. A large group of QTL_s located in ROH islands were identified in experiments on QTL mapping associated with milk and meat productivity in resource populations.

Key words: genotyping, the runs of homozygosity islands, DNA chips, local sheep breeds, QTL, economically significant traits

For citation: Deniskova T.E. Identification of QTL localized in the runs of homozygosity in sheep breeds raised in Russia. *Agrarian science*. 2025; 399(10): 102–109 (in Russian).

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-399-10-102-109>

¹ Согласно ГОСТ 31777-2012 Овцы и козы для убоя. Баранина, ягнятина и козлятина в тушах

Введение/Introduction

Локусы количественных признаков (QTL) — это геномные регионы, ассоциированные с экономически значимыми признаками у сельскохозяйственных животных. Картирование новых QTL способствует идентификации функционального гена, лежащего в основе формирования фенотипа, а также определяет перспективы для будущих исследований в аспекте поиска геномных вариантов, влияющих на улучшение признаков [1]. Информация, полученная в результате генетического картирования, размещается в публично доступных базах данных.

Две наиболее значимые базы данных — это Animal Quantitative Trait Loci (QTL) Database (AnimalQTLdb)² и AnimalGWASAtlas³. В 2022 году была представлена обновленная версия AnimalQTLdb, содержащая сведения об известных QTL для сельскохозяйственных видов животных, включая овец, с учетом новых сборок генома для передачи данных геномной карты [2]. Согласно описанию Y. Gou *et al.* (2025), AnimalGWASAtlas объединяет общедоступные мультиомиксные данные из 140 исследований по полногеномному поиску ассоциаций (GWAS), охватывающих 471 признак у свиней, овец, крупного рогатого скота и кур [3].

Поиск QTL в геномах овец весьма актуален. Так, например, на первой хромосоме в результате GWAS, проведенного в популяции овец породы романе, был выявлен QTL, связанный с энергетическими резервами организма во время беременности и лактации. Внутри этого QTL были расположены несколько значимых SNP в гене рецептора лептина (*LEPR*) [4].

В ресурсной популяции альпийского меринуса W. Zhang *et al.* (2024) идентифицировали 46 QTL, ассоциированных с массой тела и качественными и количественными показателями шерстной продуктивности [5]. Анализируя вариацию числа копий (CNV) в полных геномах тонкорунных пород овец, С. Yuan *et al.* (2021) показали, что 1855 регионов CNV совпадали с 166 QTL, связанных с молочной продуктивностью и устойчивостью к паразитам [6].

Кроме того, до сих пор в научной литературе имеются сведения о проведении картирования QTL на основе использования микросателлитов. Например, были проведены попытки выявления QTL, связанных с молочной продуктивностью, в породе авасси в Турции с помощью 18 микросателлитов [7]. Тем не менее информация о QTL, располагающихся в регионах, испытывающих признаки отбора, у отечественных пород отсутствует.

Цели исследования — выявление количественных локусов признаков (QTL) в регионах

гомозиготности у российских пород овец и определение их ассоциации с хозяйственно ценными признаками.

Материалы и методы исследования / Materials and methods

Материалом для исследования служили полногеномные SNP-профили овец, включающие 42 230 SNP. Анализируемые SNP-профили были получены на основе объединения генотипов средней (50K) и высокой (600K) плотности, сгенерированные с помощью биочипов *OvineSNP50 BeadChip* (Illumina, США) и *Ovine Infinium HD BeadChip* (Illumina, США) соответственно.

В анализ были включены SNP, присутствующие в составе обоих перечисленных ДНК-чипов. SNP-генотипирование проводили на базе ЦКП «Биоресурсы и биоинженерия сельскохозяйственных животных» ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста с 2019 по 2024 год.

Выборка овец включала представителей 10 пород:

- ✓ андийская ($n_{50K} = 17$),
- ✓ буубэй ($n_{50K} = 17$, $n_{600K} = 22$),
- ✓ волгоградская ($n_{50K} = 13$, $n_{600K} = 22$),
- ✓ забайкальская ($n_{50K} = 7$, $n_{600K} = 8$),
- ✓ карачаевская ($n_{50K} = 22$, $n_{600K} = 21$),
- ✓ кулундинская ($n_{50K} = 16$),
- ✓ кучугуровская ($n_{50K} = 16$),
- ✓ куйбышевская ($n_{50K} = 15$),
- ✓ романовская ($n_{50K} = 26$, $n_{600K} = 10$),
- ✓ русская длинношерстная ($n_{50K} = 16$, $n_{600K} = 16$).

Образцы ткани и ДНК овец были получены из УНУ «Банк генетического материала домашних и диких видов животных и птицы», поддерживаемой на базе ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста (Россия).

Фильтрация и контроль качества генотипирования были выполнены с использованием программного обеспечения PLINK v1.90⁴ (© 2025 Christopher Chang, США). С целью поиска протяженных сегментов гомозиготности использовали метод последовательных прогонов, реализованный в R-пакете *detectRUNS*. В ходе анализа допускали один негенотипированный и один гетерозиготный SNP.

В качестве индикаторов островков гомозиготности (RON) в геноме овец были отобраны перекрывающиеся сегменты с минимальной длиной 0,3 Мб, общие более чем для 50% образцов внутри породы. Геномные координаты островков гомозиготности состояли из номера хромосомы, нуклеотидной позиции начала и нуклеотидной позиции конца целевого геномного региона. Геномные координаты островков гомозиготности и краткая характеристика изучаемых пород представлены в таблице 1.

²<https://www.animalgenome.org/cgi-bin/QTLdb/index>

³<https://agwas.sicau.edu.cn/#/HomePage>

⁴<https://www.cog-genomics.org/plink2/>

Анализ совпадений геномных координат островков гомозиготности с локусами количественных признаков был проведен с использованием международной базы данных Sheep Quantitative Trait Locus (QTL) Database (Sheep QTLdb)⁵. Названия анализируемых показателей соответствовали названию локусов количественных признаков, представленных в базе данных Sheep QTLdb.

Результаты и обсуждение / Results and discussion

Анализ сопоставления геномных координат островков ROH с актуальной версией базы данных SheepQTLdb выявил наличие 58 уникальных QTL, которые были представлены 29 показателями (рис. 1).

Среди них наиболее часто встречающимися были:

- ✓ живая масса (10,34%), масса жира в туше (8,62%),
- ✓ вес парной туши⁶ (6,9%),
- ✓ количество молока (удой) (6,9%).

Показатели «процент выхода мяса с пониженным содержанием жира», «процент жира в туше», «процент костей (прижизненно)», «масса мышц в туше», «плотность жира» имели долю в размере 5,17% каждый, а показатели «масса костей», «общее количество жира (прижизненное)», «плотность мышц», «содержание эйкозапентаеновой кислоты в мясе» — по 3,45% каждый.

Большая группа QTL, перекрывающихся с островками ROH, была ассоциирована с размерами туловища, живой массой и составом туш (табл. 2).

Большая группа идентифицированных QTL, локализованных в островках ROH, была ассоциирована с размерами туловища, живой массой и составом туш. Например, в островке ROH у русской длинношерстной породы был идентифицирован QTL 14238, который впервые выявлен в исследованиях британской коммерческой мясной породы шароле и ассоциирован с глубиной длиннейшей мышцы спины [8].

QTL 57674 в островке ROH у андийской породы на второй хромосоме был впервые обнаружен в одной из самых значимых научных работ по

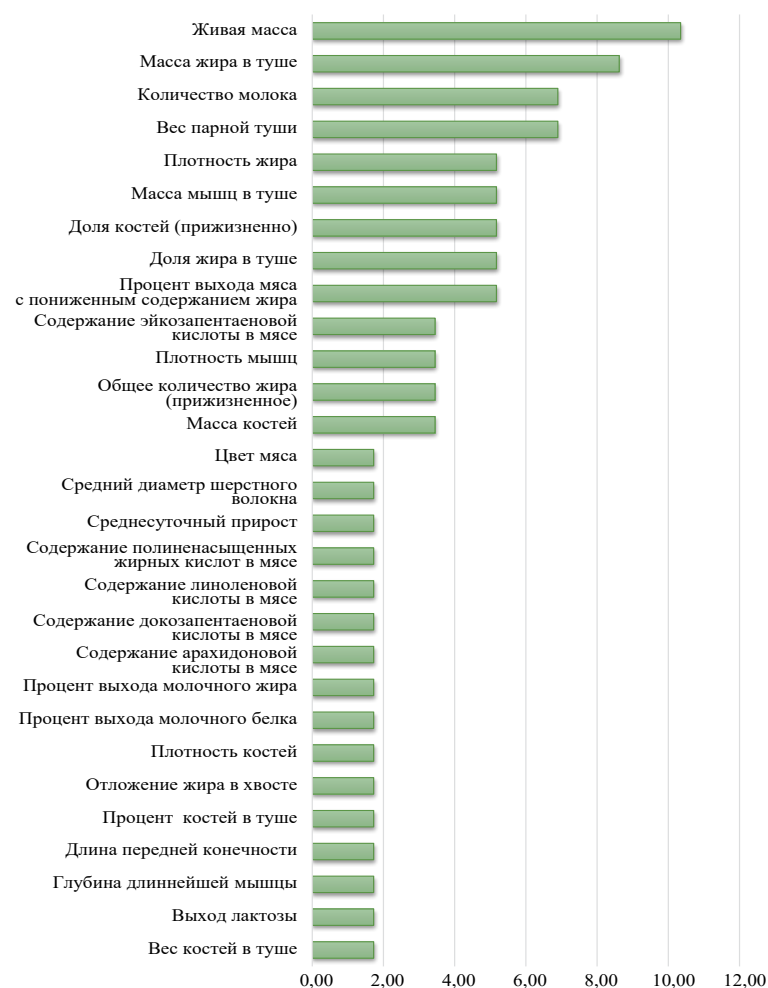
Таблица 1. Краткая характеристика изучаемых пород овец с указанием геномных координат идентифицированных островков гомозиготности

Table 1. Brief description of the studied sheep breeds with indication of the coordinates of the identified ROH islands

Порода овец	Аббревиатура	n*	Геномная координата островка ROH	Фенотип	
				шерсть	хвост
Андийская	ANDB	17	2:193342564-194090177 10:37886155-37951140	ГР	ДЖ
Буубэй	BUUB	39	10:37886155-40036146 13:51727898-53186320	ГР	КЖ
Волгоградская	VOLG	37	6:40449774-42930840	ТК	ДТ
Забайкальская	BKFF	15	10:38159341-39605193	ТК	ДТ
Карачаевская	KRCH	43	13:51576061-52895998	ГР	ДЖ
Кулундинская	KLND	16	6:40449774-41936490	ТК	ДТ
Кучугуровская	KUCH	16	2:78429659-78825486 10:38159341-38586588 13:51576061-52740696	ГР	ДЖ
Куйбышевская	KUIB	15	10:38073170-40036146	ПТК	ДТ
Романовская	RMNV	36	2:121773045-122317137 10:43095152-44407983 10:44569028-45082466	ГР	КТ
Русская длинношерстная	RULH	32	1:112076929-112480565	ПТК	ДТ

Примечание: n* — финальная исследуемая выборка; тип шерсти: ГР — грубая, ПТК — полутонкая, ТК — тонкая; тип хвоста: ДЖ — длинный жирный, ДТ — длинный тощий, КЖ — короткий жирный, КТ — короткий тощий.

Рис. 1. Доли показателей, соответствующих идентифицированным QTL
Fig. 1. Proportions of traits corresponding to identified QTL



⁵ <https://www.animalgenome.org/cgi-bin/QTLdb/OA/index>

⁶ Согласно ГОСТ 31777-2012 Овцы и козы для убоя. Баранина, ягнятина и козлятина в тушах.

Таблица 2. Список QTL, локализованных в островках ROH, в геномах 10 пород овец, разводимых в России

Table 2. List of QTLs localized in ROH islands in the genomes of ten sheep breeds raised in Russia

Название показателя согласно SheepQTLdb	Id QTL	Порода	Регион, выявленный в исследовании, м. п. н.
1	2	3	4
QTL на OAR1			
Глубина длинной мышцы (Longissimus muscle depth)	14238	RULH	104,23–104,62
Вес костей в туше (Bone weight in carcass)	14275		
Масса мышц в туше (Muscle weight in carcass)	14276		
Доля жира в туше / Carcass fat percentage	14277		
Содержание эйкозапентаеновой кислоты в мясе (Meat eicosapentaenoic acid content)	17215		
Содержание полиненасыщенных жирных кислот в мясе (Meat polyunsaturated fatty acid content)	17221		
QTL на OAR2			
Вес парной туши (Hot carcass weight)	13796	RMNV	113,9–114,45
	14279	RMNV	
	14253	ANDB	182,50–183,16
	14279	ANDB	182,50–183,16
Выход лактозы (Milk lactose yield)		KUCH	73,64–73,93
	13991	ANDB	182,50–183,16
	14254	ANDB	182,50–183,16
		ANDB	182,50–183,16
Живая масса (Body weight)	14280	KUCH	73,64–73,93
		RMNV	113,9–114,45
	57674	ANDB	182,50–183,16
Количество молока (Milk yield)	13992	ANDB	182,50–183,16
	14147	ANDB	182,50–183,16
Процент выхода молочного белка (Milk protein percentage)		ANDB	182,50–183,16
	57738	KUCH	73,64–73,93
		RMNV	113,9–114,45
Процент выхода молочного жира (Milk fat percentage)		ANDB	182,50–183,16
	13915	KUCH	73,64–73,93
		RMNV	113,9–114,45
Содержание арахидоновой кислоты в мясе (Meat arachidonic acid content)		ANDB	182,50–183,16
	17213	KUCH	73,64–73,93
		RMNV	113,9–114,45
Содержание докозапентаеновой кислоты в мясе (Meat docosapentaenoic acid content)		ANDB	182,5–183,16
	17217	RMNV	113,9–114,45
		KUCH	73,64–73,93
Содержание линоленовой кислоты в мясе (Meat linolenic acid content)		ANDB	182,50–183,16
	17210	KUCH	73,64–73,93
		RMNV	113,9–114,45
Содержание эйкозапентаеновой кислоты в мясе (Meat eicosapentaenoic acid content)		ANDB	182,50–183,16
	17214	KUCH	73,64–73,93
Цвет мяса (Meat color)	14163	RMNV	113,9–114,45
QTL на OAR6			
Вес парной туши (Hot carcass weight)	14260	VOLG	36,23–38,55
	14283	KLND	36,23–37,69
		VOLG	36,23–38,55
Доля жира в туше (Carcass fat percentage)		KLND	36,23–37,69
	14285	VOLG	36,23–38,55
		VOLG	36,23–38,55
Доля костей (Bone area)		VOLG	36,23–38,55
	95798	VOLG	36,23–38,55
		KLND	36,23–37,69
		KLND	36,23–37,69

проведению тонкого картирования QTL, ассоциированных с живой массой у овец [9]. В этой работе с целью проведения GWAS была генотипирована 1781 овца породы австралийский меринос, происходящих из чистопородных семейств полусибсов, для которых фиксировалась живая масса после отъема.

Островок ROH у овец волгоградской и кулундинской пород на шестой хромосоме пересекался по своим геномным координатам с несколькими QTL (95777–95864), ассоциированными с количеством мышечной, костной и жировой ткани в составе туши. Все эти QTL были внесены в базу данных SheepQTLdb в результате GWAS [10], для которого геномная составляющая была представлена SNP-генотипами 600 ягнят породы шотландская черномордая, а фенотипическая составляющая (состав туши) определена прижизненно с использованием метода компьютерной томографии.

На первой и второй хромосомах в островках ROH были расположены QTL, ассоциированные с жирнокислотным составом баранины, включая содержание линоленовой (17210), арахидоновой (17213), эйкозапентаеновой (17214, 17215), докозапентаеновой (17217) кислоты и полиненасыщенных жирных кислот (17221). Все эти QTL были впервые идентифицированы после проведения анализа геномной изменчивости овец двух линий шотландской черномордой породы: одна линия производила мясо с низким содержанием жира и высоким содержанием белка, вторая — мясо с выраженной жировой прослойкой [11]. У овец романовской породы островок ROH на второй хромосоме совпадал по геномным координатам с QTL 13796 и 14163, ассоциированными с длиной передней конечности и цветом мяса соответственно. Первый из них был выявлен в свободноживущей популяции овец соаэй (588 голов) с использованием 251 микросателлита [12]. О наличии второго QTL впервые сообщили P.L. Johnson *et al.* (2005) в исследовании генетических аспектов, влияющих на качество мяса ножек у тексел из Новой Зеландии [13].

На шестой хромосоме у волгоградской породы был идентифицирован QTL 14017, ассоциированный

1	2	3	4
Живая масса (Body weight)	13934	VOLG	36,23–38,55
	14261	KLND	36,23–37,69
		VOLG	36,23–38,55
		14284	VOLG
Масса жира в туше (Fat weight in carcass)	14282	KLND	36,23–37,69
		VOLG	36,23–38,55
	14332	KLND	36,23–37,69
		VOLG	36,23–38,55
	95820	VOLG	36,23–38,55
	95822	KLND	36,23–37,69
Масса костей (Total bone)		VOLG	36,23–38,55
	95787	KLND	36,23–37,69
Масса мышц в туше (Muscle weight in carcass)	14333	VOLG	36,23–38,55
Общее количество жира (Total fat area)	95838	KLND	36,23–37,69
	95839	KLND	36,23–37,69
		VOLG	36,23–38,55
Плотность жира (Fat density)	95832	VOLG	36,23–38,55
	95840	KLND	36,23–37,69
		VOLG	36,23–38,55
		95850	VOLG
Плотность костей (Bone density)	95805	VOLG	36,23–38,55
Плотность мышц (Muscle density)	95863	VOLG	36,23–38,55
	95864	KLND	36,23–37,69
		VOLG	36,23–38,55
Процент выхода мяса с пониженным содержанием жира (Lean meat yield percentage)	14286	KLND	36,23–37,69
VOLG		36,23–38,55	
Среднесуточный прирост (Average daily gain)	13950	VOLG	36,23–38,55
Средний диаметр шерстного волокна (Mean fiber diameter)	14017	VOLG	36,23–38,55
QTL на OAR10			
Масса жира в туше (Fat weight in carcass)	14292	ANDB BKFF BUUB KUCH KUIB RMNV	37,40–44,5
Доля костей в туше (Carcass bone percentage)	14293		
Доля жира в туше (Carcass fat percentage)	14294		
Процент выхода мяса с пониженным содержанием жира (Lean meat yield percentage)	14295		
QTL на OAR13			
Масса мышц в туше (Muscle weight in carcass)	14301	BUUB KRCH KUCH	48,34–49,71
Отложение жира в хвосте (Tail fat deposition)	127011		
Количество молока (удой) (Milk yield)	170597, 170598		

со средним диаметром шерстного волокна и впервые описанный в экспериментальной ресурсной популяции из 1109 ягнят, полученных от скрещивания 30 баранов и 415 овцематок синтетической породы INRA401 [14].

В островках ROH на тринадцатой хромосоме у буубэй и карачаевской породы был выявлен QTL 127011, ассоциированный с отложением жира в области хвоста. Этот QTL впервые был обнаружен в исследованиях, посвященных поиску признаков отбора в отношении типа хвостов у китайских аборигенных овец [15]. Буубэй и карачаевская — это жирнохвостые породы, поэтому этот QTL может быть связан с жиросотложением в области хвоста и у данных пород.

Доля QTL, ассоциированных с молочной продуктивностью, была довольно высока (12%).

У трех пород (карачаевской, кучугуровской, буубэй) было выявлено пересечение островка ROH с двумя QTL (170597 и 170598) на тринадцатой хромосоме. Информация об этих QTL появилась благодаря анализу CNV в геноме овец молочной породы валле-дель-белличе [16].

Для повышения точности картирования некоторые научные группы использовали в качестве объектов исследования ресурсные популяции. Авторы нашли пересечение островка ROH на второй хромосоме у овец андийской, кучугуровской и романовской пород с QTL 13915, ассоциированным с процентным содержанием молочного жира. Этот QTL был выявлен в результате поиска генетических механизмов, лежащих в основе регулирования молочной продуктивности в популяции овец испанской молочной породы чурра, состоящей из 11 семейств полусибсов (всего 1213 овец) [17]. Другой QTL (57738), связанный с процентным выходом молочного белка, был локализован в островке ROH на второй хромосоме. Открытие этого QTL стало возможным благодаря применению комплексного методического подхода к анализу полногеномных SNP-генотипов от 1696 овец породы чурра, отобранных из 16 семейств полусибсов [18]. Еще один QTL 14147, ассоциированный с количеством молока и локализованный в островке ROH у андийской породы на второй хромосоме, был картирован в ресурсной популяции возвратных кроссов, полученных от скрещивания баранов молочной восточнофризской породы и овцематок породы дорсет, с использованием

95 микросателлитных локусов [19].

Авторы выявили пересечения островков ROH с большой группой QTL на первой (14275–14278), второй (13991, 13992, 14253, 14254, 14279, 14280), шестой (13934, 13950, 14260, 14261, 14282–14286, 14332, 14333), десятой (14292–14295) и тринадцатой (14301) хромосомах. Эти QTL примечательны тем, что они были впервые описаны в эксперименте, проведенном в семействе возвратных кроссов (авасси × меринос) × меринос, которое было заложено при участии одного барана-родоначальника. Цель закладки такого семейства полусибсов — это идентификация QTL, ассоциированных с откормочной, мясной и молочной продуктивностью. Картирование проводили с использованием микросателлитных локусов (от 189 до 200), расположенных на аутосомах

овец. В зависимости от того, какой специфический признак изучался, у помесного потомства проводился сбор интересующих фенотипических признаков.

В первом эксперименте [20] 510 возвратных кроссов были задействованы для конструирования генетической карты неравновесного сцепления для идентификации QTL, в том числе QTL 13934, связанного с живой массой, и 13950, ассоциированного со среднесуточным приростом, на шестой хромосоме. Во второй работе были описаны новые QTL, связанные с молочной продуктивностью [21]. Среди прочих были выявлены QTL 13991 и 13992, ассоциированные с выходом лактозы и количеством молока, соответственно, и расположенные в островках ROH в настоящей работе.

В третьем эксперименте животные были разделены на две группы для оценки состава туловища, зафиксированные *in vivo* перед убоем в возрасте 2 (1-я группа) и 3,5 (2-я группа) лет с помощью компьютерной томографии [22]. В результате регрессионного анализа были выявлены 28 QTL, ассоциированных с показателями мясной и откормочной продуктивности, среди которых многие пересекались с островками ROH в данной работе.

Авторы этих работ предположили, что результаты следует проверить в других породах с использованием высокопроизводительных платформ для SNP-генотипирования. Вероятно, результаты авторов, полученные на основе анализа полногеномных SNP-генотипов и представленные выше, могут быть рассмотрены в качестве такого подтверждения, так как увеличение количества анализируемых маркеров позволяет значительно повысить точность картирования QTL. Это было экспериментально подтверждено на примере австралийской популяции крупного рогатого скота красного корня: использование данных полных геномов вместо чипов высокой плотности в среднем дало 3%-ное улучшение точности картирования QTL [23].

Кроме того, ранее авторы проводили GWAS по поиску ассоциаций SNP с живой массой и

размерами туловища в специально созданной кроссбредной популяции возвратных кроссов, полученных от скрещивания овцематок романовской породы и F1 гибридных баранов (романовская × катадин). В результате были обнаружены достоверные ассоциации SNP, расположенных внутри QTL (например, 14276, 14301 и 95793), о которых сообщалось выше, с размерами туловища у овец [24]. Это в свою очередь указывает на то, что перечисленные выше QTL представляют интерес для внедрения в селекционный процесс. Так, например, разработанные тест-системы для определения аллельных вариантов генов *DGKH* и *PPP1R1C*, ассоциированных с живой массой у овец и идентифицированных ранее в ходе GWAS, используются в маркерной селекции овец южной мясной породы и для отбора животных для создания новой мясной породы линияющих овец [25].

Выводы/Conclusions

На одной и той же хромосоме многие QTL были общими для островков ROH, имеющими несколько смещенные границы у разных пород. Можно предположить, что человек проводил отбор более крупных и быстрорастущих животных для создания предковых групп современных пород, поэтому много QTL, пересекающихся с островками ROH, ассоциировано в той или иной мере с размерами туловища.

Проведение тонкого картирования QTL стало возможным с разработкой ДНК-чипов, позволяющих проводить одновременное генотипирование десятков тысяч SNP, равномерно распределенных по геному. Однако большое число QTL, включенных в базу SheepQTLdb, были картированы ранее с использованием панелей микросателлитных локусов и имеют большой доверительный интервал.

В связи с этим настоящее исследование может быть рассмотрено в аспекте валидации ранее идентифицированных QTL, геномные варианты внутри которых могут быть рекомендованы для внедрения в маркерную селекцию в овцеводстве.

Автор несет ответственность за работу и представленные данные. Автор несет ответственность за плагиат. Автор объявил об отсутствии конфликта интересов.

The author is responsible for the work and the submitted data. The author is responsible for plagiarism. The author declared no conflict of interest.

ФИНАНСИРОВАНИЕ

Исследование выполнено за счет средств Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (FGGN-2024-0015).

FUNDING

The study was funded by the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation (FGGN-2024-0015).

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

1. Jahuey-Martínez F.J., Martínez-Quintana J.A., Rodríguez-Almeida F.A., Parra-Bracamonte G.M. Exploration and Enrichment Analysis of the QTLome for Important Traits in Livestock Species. *Genes*. 2024; 15(12): 1513. <https://doi.org/10.3390/genes15121513>
2. Hu Z.-L., Park C.A., Reecy J.M. Bringing the Animal QTLdb and CorrDB into the future: meeting new challenges and providing updated services. *Nucleic Acids Research*. 2022; 50(D1): D956–D961. <https://doi.org/10.1093/nar/gkab1116>
3. Gou Y. *et al.* AnimalGWASAtlas: Annotation and prioritization of GWAS loci and quantitative trait loci for animal complex traits. *Journal of Biological Chemistry*. 2025; 301(3): 108267. <https://doi.org/10.1016/j.jbc.2025.108267>

REFERENCES

1. Jahuey-Martínez F.J., Martínez-Quintana J.A., Rodríguez-Almeida F.A., Parra-Bracamonte G.M. Exploration and Enrichment Analysis of the QTLome for Important Traits in Livestock Species. *Genes*. 2024; 15(12): 1513. <https://doi.org/10.3390/genes15121513>
2. Hu Z.-L., Park C.A., Reecy J.M. Bringing the Animal QTLdb and CorrDB into the future: meeting new challenges and providing updated services. *Nucleic Acids Research*. 2022; 50(D1): D956–D961. <https://doi.org/10.1093/nar/gkab1116>
3. Gou Y. *et al.* AnimalGWASAtlas: Annotation and prioritization of GWAS loci and quantitative trait loci for animal complex traits. *Journal of Biological Chemistry*. 2025; 301(3): 108267. <https://doi.org/10.1016/j.jbc.2025.108267>

4. Macé T. *et al.* Genome-wide analyses reveal a strong association between LEPR gene variants and body fat reserves in ewes. *BMC Genomics*. 2022; 23: 412. <https://doi.org/10.1186/s12864-022-08636-z>
5. Zhang W., Lu Z., Guo T., Yuan C., Liu J. Construction of a high-density genetic map and QTL localization of body weight and wool production related traits in Alpine Merino sheep based on WGR. *BMC Genomics*. 2024; 25: 641. <https://doi.org/10.1186/s12864-024-10535-4>
6. Yuan C. *et al.* A global analysis of CNVs in Chinese indigenous fine-wool sheep populations using whole-genome resequencing. *BMC Genomics*. 2021; 22: 78. <https://doi.org/10.1186/s12864-021-07387-7>
7. Koncagül S., Kiraz S., Koyun H. Detection of putative loci affecting milk yield in Turkish Awassi sheep using microsatellite markers. *Tropical Animal Health and Production*. 2024; 56(8): 322. <https://doi.org/10.1007/s11250-024-04165-x>
8. Matika O. *et al.* Characterization of OAR1 and OAR18 QTL associated with muscle depth in British commercial terminal sire sheep. *Animal Genetics*. 2011; 42(2): 172–180. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2010.02121.x>
9. 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>
10. Matika O. *et al.* Genome-wide association reveals QTL for growth, bone and in vivo carcass traits as assessed by computed tomography in Scottish Blackface lambs. *Genetics Selection Evolution*. 2016; 48: 11. <https://doi.org/10.1186/s12711-016-0191-3>
11. Karamichou E., Richardson R.I., Nute G.R., Gibson K.P., Bishop S.C. Genetic analyses and quantitative trait loci detection, using a partial genome scan, for intramuscular fatty acid composition in Scottish Blackface sheep. *Journal of Animal Science*. 2006; 84(12): 3228–3238. <https://doi.org/10.2527/jas.2006-204>
12. Beraldi D., McRae A.F., Gratten J., Slate J., Visscher P.M., Pemberton J.M. Mapping quantitative trait loci underlying fitness-related traits in a free-living sheep population. *Evolution*. 2007; 61(6): 1403–1416. <https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.2007.00106.x>
13. Johnson P.L., McEwan J.C., Dodds K.G., Purchas R.W., Blair H.T. Meat quality traits were unaffected by a quantitative trait locus affecting leg composition traits in Texel sheep. *Journal of Animal Science*. 2005; 83(12): 2729–2735. <https://doi.org/10.2527/2005.83122729x>
14. Ponz R. *et al.* Assessment of genetic variation explained by markers for wool traits in sheep via a segment mapping approach. *Mammalian Genome*. 2001; 12(7): 569–572. <https://doi.org/10.1007/s003350030007>
15. Yuan Z. *et al.* Selection signature analysis reveals genes associated with tail type in Chinese indigenous sheep. *Animal Genetics*. 2017; 48(1): 55–66. <https://doi.org/10.1111/age.12477>
16. Di Gerlando R. *et al.* Genome-wide association study between CNVs and milk production traits in Valle del Belice sheep. *PLoS ONE*. 2019; 14(4): e0215204. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0215204>
17. Gutiérrez-Gil B. *et al.* Quantitative trait loci underlying milk production traits in sheep. *Animal Genetics*. 2009; 40(4): 423–434. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2009.01856.x>
18. García-Gómez E., Gutiérrez-Gil B., Suárez-Vega A., de la Fuente L.F., Arranz J.J. Identification of quantitative trait loci underlying milk traits in Spanish dairy sheep using linkage plus combined linkage disequilibrium and linkage analysis approaches. *Journal of Dairy Science*. 2013; 96(9): 6059–6069. <https://doi.org/10.3168/jds.2013-6824>
19. Mateescu R.G., Thonney M.L. Genetic mapping of quantitative trait loci for milk production in sheep. *Animal Genetics*. 2010; 41(5): 460–466. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2010.02045.x>
20. Raadsma H.W. *et al.* Mapping quantitative trait loci (QTL) in sheep. I. A new male framework linkage map and QTL for growth rate and body weight. *Genetics Selection Evolution*. 2009; 41: 34. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-41-34>
21. Cavanagh C.R., Jonas E., Hobbs M., Thomson P.C., Tammen I., Raadsma H.W. Mapping Quantitative Trait Loci (QTL) in sheep. III. QTL for carcass composition traits derived from CT scans and aligned with a meta-assembly for sheep and cattle carcass QTL. *Genetics Selection Evolution*. 2010; 42: 36. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-42-36>
4. Macé T. *et al.* Genome-wide analyses reveal a strong association between LEPR gene variants and body fat reserves in ewes. *BMC Genomics*. 2022; 23: 412. <https://doi.org/10.1186/s12864-022-08636-z>
5. Zhang W., Lu Z., Guo T., Yuan C., Liu J. Construction of a high-density genetic map and QTL localization of body weight and wool production related traits in Alpine Merino sheep based on WGR. *BMC Genomics*. 2024; 25: 641. <https://doi.org/10.1186/s12864-024-10535-4>
6. Yuan C. *et al.* A global analysis of CNVs in Chinese indigenous fine-wool sheep populations using whole-genome resequencing. *BMC Genomics*. 2021; 22: 78. <https://doi.org/10.1186/s12864-021-07387-7>
7. Koncagül S., Kiraz S., Koyun H. Detection of putative loci affecting milk yield in Turkish Awassi sheep using microsatellite markers. *Tropical Animal Health and Production*. 2024; 56(8): 322. <https://doi.org/10.1007/s11250-024-04165-x>
8. Matika O. *et al.* Characterization of OAR1 and OAR18 QTL associated with muscle depth in British commercial terminal sire sheep. *Animal Genetics*. 2011; 42(2): 172–180. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2010.02121.x>
9. 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>
10. Matika O. *et al.* Genome-wide association reveals QTL for growth, bone and in vivo carcass traits as assessed by computed tomography in Scottish Blackface lambs. *Genetics Selection Evolution*. 2016; 48: 11. <https://doi.org/10.1186/s12711-016-0191-3>
11. Karamichou E., Richardson R.I., Nute G.R., Gibson K.P., Bishop S.C. Genetic analyses and quantitative trait loci detection, using a partial genome scan, for intramuscular fatty acid composition in Scottish Blackface sheep. *Journal of Animal Science*. 2006; 84(12): 3228–3238. <https://doi.org/10.2527/jas.2006-204>
12. Beraldi D., McRae A.F., Gratten J., Slate J., Visscher P.M., Pemberton J.M. Mapping quantitative trait loci underlying fitness-related traits in a free-living sheep population. *Evolution*. 2007; 61(6): 1403–1416. <https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.2007.00106.x>
13. Johnson P.L., McEwan J.C., Dodds K.G., Purchas R.W., Blair H.T. Meat quality traits were unaffected by a quantitative trait locus affecting leg composition traits in Texel sheep. *Journal of Animal Science*. 2005; 83(12): 2729–2735. <https://doi.org/10.2527/2005.83122729x>
14. Ponz R. *et al.* Assessment of genetic variation explained by markers for wool traits in sheep via a segment mapping approach. *Mammalian Genome*. 2001; 12(7): 569–572. <https://doi.org/10.1007/s003350030007>
15. Yuan Z. *et al.* Selection signature analysis reveals genes associated with tail type in Chinese indigenous sheep. *Animal Genetics*. 2017; 48(1): 55–66. <https://doi.org/10.1111/age.12477>
16. Di Gerlando R. *et al.* Genome-wide association study between CNVs and milk production traits in Valle del Belice sheep. *PLoS ONE*. 2019; 14(4): e0215204. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0215204>
17. Gutiérrez-Gil B. *et al.* Quantitative trait loci underlying milk production traits in sheep. *Animal Genetics*. 2009; 40(4): 423–434. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2009.01856.x>
18. García-Gómez E., Gutiérrez-Gil B., Suárez-Vega A., de la Fuente L.F., Arranz J.J. Identification of quantitative trait loci underlying milk traits in Spanish dairy sheep using linkage plus combined linkage disequilibrium and linkage analysis approaches. *Journal of Dairy Science*. 2013; 96(9): 6059–6069. <https://doi.org/10.3168/jds.2013-6824>
19. Mateescu R.G., Thonney M.L. Genetic mapping of quantitative trait loci for milk production in sheep. *Animal Genetics*. 2010; 41(5): 460–466. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2010.02045.x>
20. Raadsma H.W. *et al.* Mapping quantitative trait loci (QTL) in sheep. I. A new male framework linkage map and QTL for growth rate and body weight. *Genetics Selection Evolution*. 2009; 41: 34. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-41-34>
21. Cavanagh C.R., Jonas E., Hobbs M., Thomson P.C., Tammen I., Raadsma H.W. Mapping Quantitative Trait Loci (QTL) in sheep. III. QTL for carcass composition traits derived from CT scans and aligned with a meta-assembly for sheep and cattle carcass QTL. *Genetics Selection Evolution*. 2010; 42: 36. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-42-36>

22. Raadsma H.W., Jonas E., McGill D., Hobbs M., Lam M.K., Thomson P.C. Mapping quantitative trait loci (QTL) in sheep. II. Meta-assembly and identification of novel QTL for milk production traits in sheep. *Genetics Selection Evolution*. 2009; 41: 45. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-41-45>
23. Meuwissen T., van den Berg I., Goddard M. On the use of whole-genome sequence data for across-breed genomic prediction and fine-scale mapping of QTL. *Genetics Selection Evolution*. 2021; 53: 19. <https://doi.org/10.1186/s12711-021-00607-4>
24. Денискова Т.Е., Кошкина О.А., Петров С.Н., Сермягин А.А., Зиновьева Н.А. Идентификация генов-кандидатов, связанных с ростом и развитием овец из кроссбредной популяции, с использованием полногеномного поиска ассоциаций. *Аграрная наука Евро-Северо-Востока*. 2024; 25(2): 236–250. <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2024.25.2.236-250>
25. Кошкина О.А., Денискова Т.Е., Зиновьева Н.А. Разработка и апробация тест-системы определения полиморфизма генов DGKH и PPP1R1C, ассоциированных с живой массой овец. *Аграрная наука*. 2023; (12): 80–84. <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2023-377-12-80-84>

ОБ АВТОРЕ

Татьяна Евгеньевна Денискова

кандидат биологических наук,
ведущий научный сотрудник
horarka@yandex.ru
<https://orcid.org/0000-0002-5809-1262>

¹Федеральный исследовательский центр животноводства — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста, пос. Дубровицы, 60, г. о. Подольск, Московская обл., 142132, Россия

22. Raadsma H.W., Jonas E., McGill D., Hobbs M., Lam M.K., Thomson P.C. Mapping quantitative trait loci (QTL) in sheep. II. Meta-assembly and identification of novel QTL for milk production traits in sheep. *Genetics Selection Evolution*. 2009; 41: 45. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-41-45>
23. Meuwissen T., van den Berg I., Goddard M. On the use of whole-genome sequence data for across-breed genomic prediction and fine-scale mapping of QTL. *Genetics Selection Evolution*. 2021; 53: 19. <https://doi.org/10.1186/s12711-021-00607-4>
24. Deniskova T.E., Koshkina O.A., Petrov S.N., Sermyagin A.A., Zinovieva N.A. Identification of candidate genes associated with growth and development of sheep from a crossbred population using genome-wide association studies. *Agricultural Science Euro-North-East*. 2024; 25(2): 236–250 (in Russian). <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2024.25.2.236-250>
25. Koshkina O.A., Deniskova T.E., Zinovieva N.A. Development and validation of a test system for determining the polymorphism in the DGKH and PPP1R1C genes associated with body weight of sheep. *Agrarian science*. 2023; (12): 80–84 (in Russian). <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2023-377-12-80-84>

ABOUT THE AUTHOR

Tatiana Evgenievna Deniskova

Candidate of Biological Sciences,
Leading Researcher
horarka@yandex.ru
<https://orcid.org/0000-0002-5809-1262>

¹L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry, 60 Dubrovitsy, Podolsk Municipal District, Moscow Region, 142132, Russia



Достойное вознаграждение за привлеченную рекламу от ИД «Аграрная наука»

Вы



- общительны и активны
- владеете связями в сфере АПК
- имеете время и желание
- хотите заработать

Мы гарантируем

- ☒ интересную работу по привлечению рекламы в проекты ИД
- ☒ свободный, удобный график
- ☒ официальное оформление
- ☒ щедрый % за принесенную вами рекламу

Звоните +7 (916) 616-05-31

Реклама