Животноводство и кормопроизводство. 2026. Т. 109. № 1. С. 99-111.
Animal Husbandry and Fodder Production. 2026. Vol. 109. No. 1. P. 99-111.

Научная статья
УДК 636.32/.38
doi: 10.33284/2658-3135-109-1-99

Идентификация следов селекции в романовской породе овец на основании анализа гаплотипов

Татьяна Евгеньевна Денискова [1], Александра Сергеевна Абдельманова [2]
[1,2]Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста, Дубровицы, Россия
[1]horarka@yandex.ru, https://orcid.org/0000-0002-5809-1262
[2]abdelmanova@vij.ru, https://orcid.org/0000-0003-4752-0727

Аннотация. Исследование посвящено идентификации геномных регионов, отличающих романовскую породу овец от других пород, сгруппированных по типу хвоста. С использованием ДНК-чипа OvineSNP50 BeadChip проведено полногеномное SNP-генотипирование 391 образца биологического материала (ушные выщипы) овец 14 пород. Выполнен поиск следов селекции на основании анализа гаплотипов с использованием программы hapFLK. В романовской породе выявлены 2 геномных региона, находящихся под давлением селекции, на 10-й и 14-й хромосомах, включающих 2 и 11 генов соответственно. В указанных регионах идентифицировано 218 QTL. Выявленные гены после валидации могут быть рекомендованы как потенциальные мишени для включения в программы маркер-ориентированной селекции овец романовской породы.

Ключевые слова: SNP, ДНК чипы, гены-кандидаты, QTL, домашние овцы, романовская порода
Благодарности: работа выполнена в соответствии с планом НИР на 2024-2026 гг. ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста (№ FGGN-2024-0015).
Для цитирования: Денискова Т.Е., Абдельманова А.С. Идентификация следов селекции в романовской породе овец на основании анализа гаплотипов // Животноводство и кормопроизводство. 2026. Т. 109. № 1. С. 99-111. [Deniskova TE, Abdelmanova AS. Identification of selective sweeps in the Romanov sheep breed based on haplotype analysis. Animal Husbandry and Fodder Production. 2026;109(1):99-111. (In Russ.)]. https://doi.org/10.33284/2658-3135-109-1-99

Original article

Identification of selective sweeps in the Romanov sheep breed based on haplotype analysis

Tatyana E Deniskova[1], Alexandra S Abdelmanova[2]
[1,2]Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member LK Ernst, Dubrovitsy, Russia
[1]horarka@yandex.ru, https://orcid.org/0000-0002-5809-1262
[2]abdelmanova@vij.ru, https://orcid.org/0000-0003-4752-0727

Abstract. This study aims to identify genomic regions that distinguish the Romanov sheep breed from other breeds grouped by tail type. Using the OvineSNP50 BeadChip DNA chip, whole-genome SNP genotyping of 391 samples of biological material (ear notches) of sheep from 14 breeds was performed. A search for traces of selection pressure was performed based on haplotype analysis using the hapFLK program. Two genomic regions under selection pressure were identified in the Romanov breed, on chromo-

©Денискова Т.Е., Абдельманова А.С., 2026

somes 10 and 14, comprising 2 and 11 genes, respectively. A total of 218 QTLs were identified in these regions. After validation, the identified genes can be recommended as potential targets for inclusion in marker-assisted selection programs for Romanov sheep.

***Keywords*:** SNPs, DNA chips, candidate genes, QTLs, domestic sheep, Romanov breed

***Acknowledgments*:** the work was supported in accordance to the plan of research works for 2024-2026 LK Ernst Federal Research Center (No. FGGN-2024-0015).

***For citation*:** Deniskova TE, Abdelmanova AS. Identification of selective sweeps in the Romanov sheep breed based on haplotype analysis. Animal Husbandry and Fodder Production. 2026;109(1):99-111. (In Russ.)]. https://doi.org/10.33284/2658-3135-109-1-99

Введение.

Романовская порода – это известнейшая отечественная порода овец, созданная путем народной селекции лучших животных по качеству овчин и плодовитости в конце XVII века в Ярославской области (Двалишвили В.Г., 2017). Порода обладает полиэстричностью и высокой плодовитостью, которая в среднем составляет 270 ягнят и более на 100 маток (Двалишвили В.Г., 2017). Несмотря на высокое качество овчин, романовская порода овец сейчас используется для производства баранины в рамках как чистопородного разведения, так и при скрещивании с другими породами, например, с эдильбаевской породой (Двалишвили В.Г., 2013; Двалишвили В.Г., 2017). Показано, что у баранчиков романовской породы масса мяса 1 сорта составляет в среднем 17,15±0,32 кг при убое в возрасте 12 месяцев (Амирова Р.И. и др., 2025). Кроме того, был создан мясо-шубный тип овец в романовской породе, при этом туши мясо-шубных баранчиков имеют товарный вид и характеризуются повышенным содержанием межмышечного жира, улучшающего кулинарные и вкусовые качества баранины (Двалишвили В.Г., 2013). Проводятся исследования по тестированию популяций овец романовской породы по отдельным генетическим маркерам. Так, например, был проанализирован полиморфизм в трех генах, связанных с мясной продуктивностью (*IGFBP-3*, *GH*, *CAST*) (Костылев М.Н. и др., 2020).

Поиск генов-кандидатов, связанных с наиболее ценными особенностями пород сельскохозяйственных животных, весьма актуален для акселерации селекционного прогресса. С этой целью применяются различные подходы. На основе результатов GWAS было показано, что гены *FZD6*, *ASIC2*, *PYM1* и *UNC13C* связаны с липидным метаболизмом у овец породы джалгинский меринос (Саприкина Т.Ю. и др., 2023).

Кроме ассоциативных исследований для поиска генов-кандидатов, потенциально связанных с хозяйственно-полезными признаками, широко используются математические методы, позволяющие выявлять геномные регионы, в которых под действием естественного или искусственного отбора закрепились определенные генетические варианты.

Одним из методов идентификации участков генома, подвергшихся давлению селекции, является дифференциация популяций на основании анализа гаплотипов. Статистика FLK – расширение классического теста Левонтина и Кракауэра, инструмента для обнаружения селективных и нейтральных процессов в популяциях – основана на дисперсии наблюдаемых и ожидаемых значений F_{ST} при анализе по отдельным локусам (Bonhomme M et al., 2010). Анализ на основании FLK учитывает сложные демографические структуры и различия в эффективном размере популяции, используя филогенетическую оценку матрицы родства (F) популяции для учета исторического ветвления и гетерогенности генетического дрейфа (Mousavi SF et al., 2023).

Метод анализа hapFLK, предложенный Fariello MI с соавторами (2013), также основан на идентификации геномных регионов с необычно высокими различиями в частотах аллелей между популяциями. При этом hapFLK демонстрирует более широкие возможности по сравнению с методом оценки FLK, поскольку в расчетах используются кластеры гаплотипов вместо отдельных SNP для повышения мощности анализа.

Метод hapFLK широко используется для выявления следов селекции в разных видах животных. Так, например, с использованием этого метода в иранских породах овец были выявлены геномные регионы, связанные с температурной адаптацией (Patiabadi Z et al., 2024).

В исследовании Bruno S с коллегами (2024) при сравнении пород крупного рогатого скота разного окраса (сплошной серый (Podolica Italiana), сплошной черный (абердин-ангус), сплошной белый (шароле), сплошной красный (лимузин) и черно-белый (голштинская)) идентифицированы сигналы отбора на 7 и 18 хромосомах, в которых локализованы гены, прямо или опосредовано связанные с биологическими процессами пигментации (дифференциацию и развитие меланоцитов из эмбриональных клеток нервного гребня, синтез пигмента в меланоцитах, перенос меланина из меланоцитов в кератиноциты).

Метод hapFLK позволил выявить шесть геномных регионов, находящихся под давлением селекции и связанных с приспособленностью к жаркому климату в популяции бразильских лошадей (de Faria DA et al., 2022).

Цель исследования.

Выявить геномные регионы, находящиеся под давлением селекции, у овец романовской породы в сравнительном аспекте с группами овец разного происхождения.

Материалы и методы исследования.

Объект исследования. Овцы романовской породы (ROMANOV, n=121).

Обслуживание животных и экспериментальные исследования были выполнены в соответствии с инструкциями и рекомендациями нормативных актов: протоколы Женевской конвенции и принципы надлежащей лабораторной практики (Национальный стандарт Российской Федерации ГОСТ Р 53434-2009). При проведении исследований были предприняты меры для обеспечения минимума страданий животных и уменьшения количества исследуемых опытных образцов.

Схема эксперимента. Из ушных выщипов овец, сохраняемых в генетическом банке ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста, с использованием коммерческого набора Экстран-2 («Синтол», Москва, Россия) в соответствии с рекомендациями фирмы-изготовителя были получены экстракты ДНК, оценены качество полученных растворов и пригодность для генотипирования на ДНК-чипах.

В качестве групп сравнения использовали 13 пород овец, разводимых на территории Российской Федерации, объединенных в группы в соответствии с типом хвоста (Deniskova TE et al., 2018): длинножирнохвостые (LONGFAT, n=97, в том числе андийская черная, карачаевская, каракульская, лезгинская, тушинская), длиннотощехвостые (LONGTHIN, n=84, в том числе грозненская, русская длинношерстная, сальская, волгоградская), курдючные (RUMP, n=54, в том числе эдильбаевская, калмыцкая), короткожирнохвостые (SHORTFAT, n=35, в том числе буубэй, тувинская короткожирнохвостая).

С использованием коммерческого ДНК-чипа OvineSNP50 BeadChip проведено полногеномное SNP-генотипирование 391 образца овец, принадлежащего к 14 породам.

Полученные данные генотипирования были обработаны с использованием программного обеспечения для анализа гаплотипов. Были выявлены геномные регионы, отличающие романовскую породу от других исследуемых групп пород.

Определены локусы количественных признаков, расположенные внутри идентифицированных геномных регионов.

Оборудование и технические средства. Исследования проводили на базе оборудования центра коллективного пользования «Биоресурсы и биоинженерия сельскохозяйственных животных» ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста. Качество полученных растворов ДНК оценивали путем измерения концентрации двухцепочечной ДНК с использованием флуориметра Qubit 3.0 (Thermo Fisher Scientific, США), а также определяя коэффициент поглощения A260/A280 на спектрофотометре NanoDrop2000 (Thermo Fisher Scientific, США) для оценки загрязненности ДНК белковыми и иными примесями.

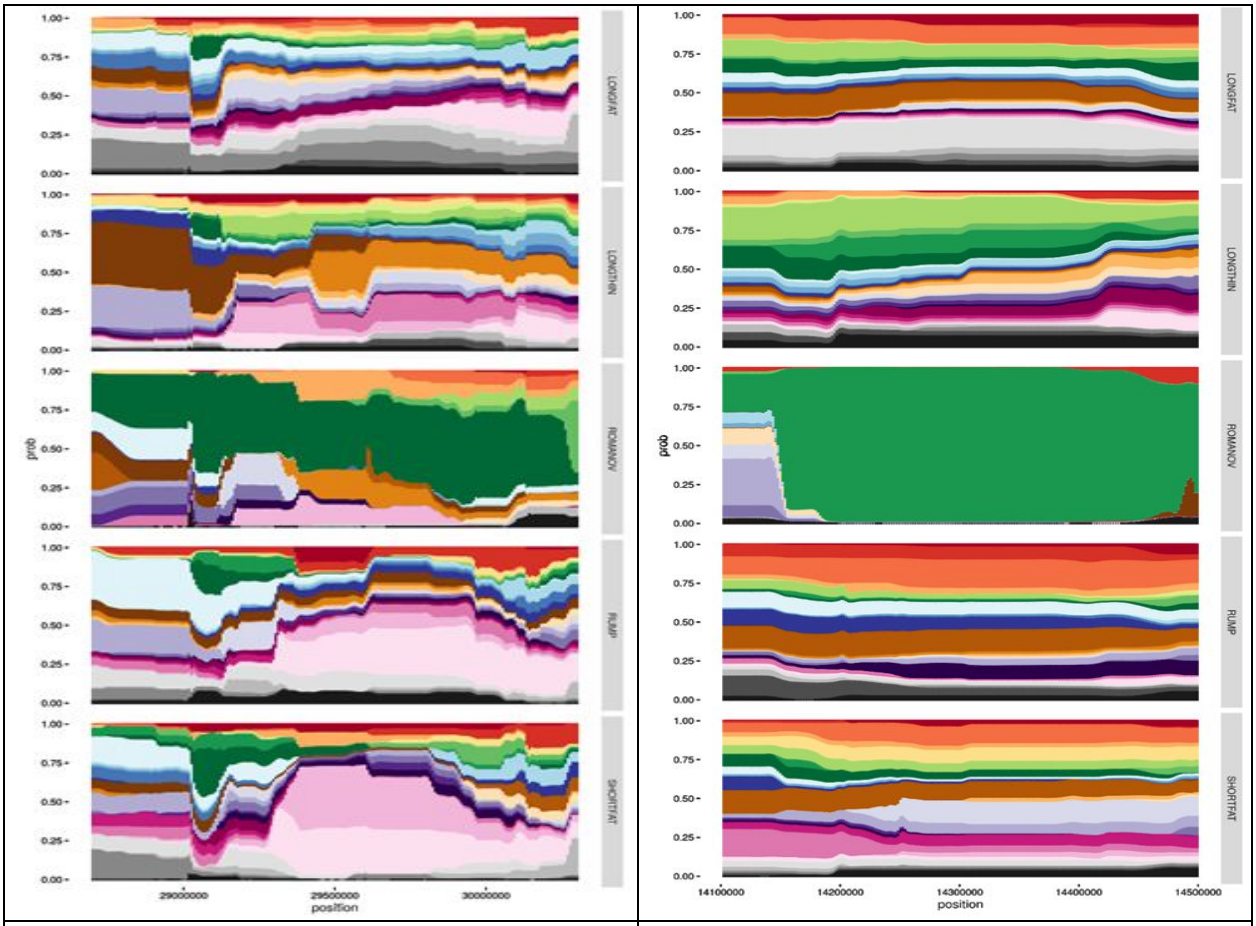
Генотипирование образцов проводили с использованием ДНК-чипа OvineSNP50 BeadChip (Illumina, Inc., США), позволяющего одновременно генотипировать более 50 тыс. однонуклеотидных полиморфизмов (SNP). Чтение ДНК-чипов выполняли на приборе iScan Reader (Illumina, Inc., США).

Статистическая обработка. Обработку данных генотипирования и визуализацию результатов проводили в программной среде R 3.5.0 (http:// www.Rproject.org) с использованием дополнительно загружаемых пакетов. Анализ дифференциации гаплотипов в популяциях проводили с использованием программы hapflk 2.1.

Поиск QTL, локализованных в геномных регионах со следами селекции, был выполнен с использование базы данных Sheep Quantitative Trait Locus Database (Sheep QTLdb) (https://www.animalgenome.org/cgi-bin/QTLdb/OA/index).

Результаты исследования.

На рисунке 1 представлены визуализированные результаты анализа hapFLK, полученные при сравнении полногеномных SNP-генотипов овец романовской породы с группами сравнения. С помощью метода hapFLK были выявлены два геномных региона, находящихся под давлением селекции, на десятой (29343422- 29812527 п.н.) и четырнадцатой (14154313-14429203 п.н.) хромосомах.



А / *A* Б /*B*

Рисунок 1. **Геномные регионы, находящиеся под давлением селекции, у исследуемых групп овец на десятой (А) и четырнадцатой (Б) хромосомах**

Figure 1**. Genomic regions under selection pressure found in the Romanov sheep breed on ten (A) and fourteen chromosomes (B)**

Геномный регион, находившийся под давлением селекции, на десятой хромосоме содержал гены *EEF1A1* (эукариотический фактор элонгации трансляции 1 альфа 1) и *RXFP2* (пептидный рецептор семейства релаксинов 2). Во втором геномном регионе на четырнадцатой хромосоме были локализованы гены *FANCA* (FA комплементационная группа A), *SPIRE2* (фактор нуклеации актина типа спиры 2), *TCF25* (фактор транскрипции 25), *TUBB6* (тубулин бета 6 класса V), *DEF8* (дифференциально экспрессируемый гомолог FDCP 8), *CENPBD1* (потенциальный белок 1, содержащий домен связывания ДНК), *LOC101113264* (AFG3-подобный белок 1), *DBNDD1* (белок, содержащий домен дисбиндина 1), *GAS8* (белок, специфичный для остановки роста 8), *LOC101109035* (5-гидроксиизоуратгидролаза-подобный белок) и *SHCBP1* (белок, связывающий SHC и ассоциированный с веретеном 1).

При анализе базы данных SheepQTLdb было выявлено, что 218 QTL, локализованных в идентифицированных геномных регионах (табл. 1), в том числе 32 QTL на десятой хромосоме и 186 QTL на четырнадцатой хромосоме.

Таблица 1. **QTL, локализованные в идентифицированных геномных регионах у овец романовской породы**
Table 1. **QTL localized in identified genomic regions in Romanov sheep**

QTL ID	**Признак / *Trait***	**Порода / *Breed***	**Тип маркеров / *Type of markers***	**Ссылка / *Reference***
1	**2**	**3**	**4**	**5**
QTL, локализованные в геномном регионе на десятой хромосоме / *QTL localized in the genomic region on chromosome 10*				
12909	Тип рогов / *Horn type*	Соэй / *Soay*	251 STR, 4 аллозима / *allozyme*	Beraldi D et al. (2006)
126989 127009	Депонирование жира в хвосте / *Tail fat deposition*	Китайские породы / *Chinese breeds*	ДНК –чип (50K) / *DNA chip*	Yuan Z et al. (2017)
13989	Устойчивость к паразитам / *Response to parasitic infection trait*	Испанская чурра / *Spanish Churra*	181 STR, 1 SNP	Gutiérrez-Gil B et al. (2009)
12923	Масса семенников / *Testes weight*	Ресурсная популяция[1] / *Resource population[1]*	138 STR	Fullard K et al. (2006)
14292	Масса жира в туше / *Fat weight in carcass*	Ресурсная популяция[2] / *Resource population[2]*	189 STR	Cavanagh CR et al. (2010)
14293	Процент костей в туше / *Carcass bone percentage*			
14294	Процент жира в туше / *Carcass fat percentage*			
14295	Процент выхода постного мяса / *Lean meat yield percentage*			
16016	Количество соматических клеток / *Somatic cell score*			Jonas E et al. (2011)
161394-161396	Длина рогов / *Horn length*	Соэй / *Soay*	ДНК –чип (50K) / *DNA chip*	Johnston SE et al. (2011)
161401-161404	Окружность рогов / *Horn circumference*			
161427-161433 161498-161505	Тип рогов / *Horn type*			

Продолжение таблицы 1

1	2	3	4	5
QTL, локализованные в геномном регионе на четырнадцатой хромосоме / *QTL localized in the genomic region on chromosome 14*				
13990	Устойчивость к паразитам / *Response to parasitic infection trait*	Испанская чурра / *Spanish Churra*	181 STR и 1 SNP	Gutiérrez-Gil B et al. (2009)
14270	Процент выхода мяса / *Dressing percentage*	Ресурсная популяция[2] / *Resource population[2]*	189 STR	Cavanagh CR et al. (2010)
14304				
14330	Общая масса костей / *Total bone (Bone weight)*			
14334				
14302	Масса костей в туше / *Bone weight in carcass*			
14269	Масса жира в туше / *Fat weight in carcass*			
12893	Устойчивость к паразитам / *Response to parasitic infection trait*	Шотландская черномордая / *Scottish Blackface*	139 STR	Davies G et al. (2006)
57808 57816	Цвет шерсти / *Coat color*	Манчега, Раса Арагенеза / *Manchega, Rasa Aragonesa*	ДНК –чип (50K) / *DNA chip*	Kijas JW et al. (2013)
176 QTL 318315-319496	Цвет шерсти / *Coat color*	Китайский Тан / *Chinese Tan*	WGS	Ma L et al. (2024)

Примечание: [1] – ресурсная популяция, полученная от скрещивания индонезийской тощехвостой породы с мериносом; [2] – ресурсная популяция возвратных кроссов, полученная от скрещивания пород авасси и меринос с использованием одного барана-производителя

Note: [1] – resource population obtained from crossing Indonesian Thin Tail sheep with Merino sheep; [2] – resource population of backcrosses obtained from crossing Awassi and Merino sheep using one sire ram

Обсуждение полученных результатов.

Биологические функции некоторых выявленных генов были описаны ранее у других пород домашних овец и сельскохозяйственных видов животных. Так, например, на основе результатов полногеномного ассоциативного анализа было высказано предположение, что полиморфизм в генах *EEF1A1* и *RXFP2* может быть связан с принадлежностью овец породы российский мясной меринос к разным бонитировочным классам, что, вероятно, указывает на роль этих генов в формировании желательных фенотипов (Криворучко А.Ю. и др., 2020). Эти гены находились в регионе, ассоциированном с формированием рогов у овец, в частности, ген *RXFP2* – это известный кандидат, ответственный за формирование рогов и безрогих фенотипов у овец (Wiedemar N and Drögemüller C, 2015). Далее роль гена была подтверждена результатами транскриптомного анализа в эмбриональном периоде (Luan Y et al., 2023). По данным Tian D с соавторами (2023), четыре связанных локуса SNP (g. 29481646 A>G, g. 29469024 T>C, g. 29462010 C>T, g. 29461968 C>T) были наиболее значимыми в гене *RXFP*2.

Функции этих генов были описаны в исследованиях и других научных коллективов. Wang J с коллегами (2020) исследовали транскриптомные профили молочной железы лактирующих и нелактирующих овец и предположили, что ген *EEF1A1* влияет на синтез белка. Romaniuk E с соавторами (2024) предположили, что ген *EEF1A1* – это потенциальный кандидат, определяющий темперамент домашних овец. Кроме того, была выявлена достоверная ассоциация rs137256008C>T, вли-

яющего на экспрессию гена *EEF1A1*, с признаком остаточного потребления корма у крупного рогатого скота породы нелоре (Cardoso TF et al., 2022).

В ходе GWAS, проведенного на основе последовательностей полных геномов, было установлено, что гены *SPIRE2* и *TCF25* – это кандидаты, участвующие в формировании черноголового фенотипа окраски шерсти у овец, а ген *FANCA* также может играть роль в регуляции этого признака (Ma L et al., 2024; Tian D et al., 2023). Zhang W с коллегами (2024) также отмечали, что регион, содержащий эти гены, находился под давлением селекции у некоторых тибетских пород овец. О связи гена *TCF25* с окраской шерсти сообщалось ранее на примере иранских пород овец (Mohammadi H et al., 2022).

Кроме того, эти гены известны и у домашних коз. На основе анализа полных геномов коз китайской плодовитой цзининской породы ген *SPIRE2* был предложен в качестве потенциального кандидата, связанного с репродуктивными признаками. Так, при сравнении с породами с низкой фертильностью гены *TCF25* и *FANCA* также находились в регионе с признаками отбора (Wang JJ et al., 2022). С помощью двух подходов (F_{ST} и ROH) было выявлено, что ген *TCF25* (эмбриональное развитие) находился под давлением селекции у египетских коз (Sallam AM et al., 2023). Анализ полных геномов показал, что гены *TCF25* и *SPIRE2*, связанные с воспроизводством, находились в регионе с признаками отбора у двух китайских аборигенных пород коз (Li C et al., 2024). В результате проведения полногеномного поиска ассоциаций было выявлено, что snp56013-scaffold873-22716 в гене *TCF25* связан со специфической окраской – с черной полосой посередине спины у китайских коз (Sun X et al., 2023). Кроме того, Wu X et al. (2024) сообщили, что ген *TCF25*, связанный с регуляцией синтеза меланина, находился в островке ROH у черных яков Сибу. Сообщалось, что гены *SPIRE2* и *FANCA* находились под давлением селекции у китайских аборигенных пород крупного рогатого скота (Ma X et al., 2022) и свиней (Zhang W et al., 2020).

У овец функции гена *DEF8* не изучены, однако его человеческий ортолог связан с признаками пигментации и реакцией кожи на загар и воздействие солнечной радиации (Kim Y et al., 2022). Кроме того, Fujiwara T et al. (2016) указывали на то, что ген *DEF8* регулирует позиционирование лизосом, секрецию и резорбцию кости в остеокластах.

Ген AFG3-like protein 1(LOC101113264) не описан у овец и коз. На основе анализа полных геномов крупного рогатого скота ангусской породы красной масти высказывались предположения, что этот ген, вовлеченный в регуляцию митохондриального метаболизма и окислительного фосфорилирования, может потенциально влиять на эффективность потребления корма и даже рост животных (He Y et al., 2022).

Ген *GAS8* связан с подвижность сперматозоидов у мелкого рогатого скота, что было подтверждено транскриптомным анализом (Sahoo B and Gupta MK, 2024). Специфические Lof-мутации в этом гене у млекопитающих приводят к бесплодию у самцов вследствие структурной дезорганизации аксонемы в жгутиках сперматозоидов (Kherraf ZE et al., 2024).

Ген *SHCBP1* вовлечен в несколько сигнальных путей, играющих важную роль важную роль во время индукции волосяного фолликула, морфогенеза и циклирования. Ma GW et al. (2023) показали, что этот ген достоверно влияет на извитость шерсти и SNP rs411176240 и rs160910635 внутри него могут быть рекомендованы для внедрения в маркерную селекцию.

Заключение.

Таким образом, на основе анализа полногеномных SNP-генотипов проведено изучение геномной архитектуры овец романовской породы. Идентифицированы геномные регионы, находящиеся под давлением селекции у овец романовской породы на десятой и четырнадцатой хромосомах. Установлено, что в геномных регионах расположены известные QTL, ассоциированные с составом туши, иммунитетом и фенотипическими показателями (тип рогов, цвет шерсти, тип хвоста). Среди генов, расположенных в геномных регионах, находящихся под давлением селекции, перспективными были гены *EEF1A1* и *AFG3-like protein 1(LOC101113264)*, связанные с ростом и развитием, *TCF25* и *FANCA*, влияющие на многоплодие, *GAS8*, вовлеченный в регуляцию воспроиз-

водства, и ген *SHCBP1*, связанный с шерстной продуктивностью. Эти гены после валидации могут быть рекомендованы как потенциальные мишени для включения в программы маркер-ориентированной селекции овец романовской породы.

Список источников

1. Амирова Р.И., Губайдуллин Н.М., Косилов В.И. Качество мясной продукции молодняка романовской породы по возрастным периодам // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. 2025. № 3(113). С. 317-321. [Amirova RI, Gubaydullin NM, Kosilov VI. Quality of meat products of young Romanov breed by age period. Izvestia Orenburg State Agrarian University. 2025;3(113):317-321. (*In Russ*.)]. doi: 10.37670/2073-0853-2025-113-3-317-321

2. Генетические маркеры мясной продуктивности романовской породы овец: IGFBP-3, GHo и CAST / М.Н. Костылев, М.В. Абрамова, А.В. Ильина, М.С. Барышева, Ю.И. Малина, Е.Г. Евдокимов, Ю.А. Юлдашбаев, С.О. Чылбак-оол, А.М. Абдулмуслимов // Аграрная наука. 2020. № 343(11). С. 36-40. [Kostylev MN, Ilyina AV, Abramova MV, Barysheva MS, Malina YuI, Evdokimov EG, Yuldashbaev YuA, Chylbak-ool SO, Abdulmuslimov AM. Genetic markers of meat productivity of the Romanov sheep breed: IGFBP-3, GHo и CAST. Agrarian Science. 2020;343(11):36-40. (*In Russ*.)]. doi: 10.32634/0869-8155-2020-343-11-36-40

3. Двалишвили В.Г. Романовская порода овец, методы повышения мясной продуктивности // Сборник научных трудов всероссийского научно-исследовательского института овцеводства и козоводства. Ставрополь, 2017. Т. 1. № 10. С. 88-96. [Dvalishvili VG. Romanovskaya poroda ovets, metodi povisheniya myasnoi produktivnosti. Cbornik nauchnikh trudov vserossiiskogo nauchno-issledovatelskogo instituta ovtsevodstva i kozovodstva. Stavropol'; 2017;1(10):88-96. (*In Russ*.)].

4. Двалишвили В.Г. Создание мясо-шубного типа овец в романовской породе с повышенной резистентностью и высокими мясными качествами // VetPharma Farm Animals. 2013. № 1. С.62-66. [Dvalishvili VG. Creation of meat-fur – coat type in the Romanov breed of sheep, with high resistance and high meat qualities. VetPharma Farm Animals. 2013;1:62-66. (*In Russ*.)].

5. Криворучко А.Ю., Яцык О.А., Сафарян Е.Ю. Гены-кандидаты продуктивности, выявленные при полногеномном поиске ассоциаций с показателями классности у овец породы российский мясной меринос // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2020. Т. 24. № 8. С. 836-843. [Krivoruchko AY, Yatsyk OA, Safaryan EY. Candidate genes for productivity identified by genome-wide association study with indicators of class in the Russian meat merino sheep breed. Vavilov Journal of Genetics and Breeding. 2020;24(8):836-843. (*In Russ*.)]. doi: 10.18699/VJ20.681

6. Поиск новых генов-кандидатов, влияющих на толщину жира у овец породы джалгинский меринос, с использованием полногеномного исследования ассоциаций / Т.Ю. Саприкина, А.Ю. Криворучко, О.А. Яцык, О.Н. Криворучко // Животноводство и кормопроизводство. 2023. Т. 106. № 2. С. 30-42. [Saprikina TYu, Krivoruchko AYu, Yatsyk OA, Krivoruchko ON. Search for new candidate genes affecting fat thickness in Jalgin Merino sheep using a genome-wide association study. Animal Husbandry and Fodder Production. 2023;106(2):30-42. (In Russ.)]. doi: 10.33284/2658-3135-106-2-30

7. Beraldi D, McRae AF, Gratten J, et al. Development of a linkage map and mapping of phenotypic polymorphisms in a free-living population of Soay sheep (Ovis aries). Genetics. 2006;173(3):1521-1537. doi: 10.1534/genetics.106.057141

8. Bonhomme M, Chevalet C, Servin B, et al. Detecting selection in population trees: the Lewontin and Krakauer test extended. Genetics. 2010;186(1):241-262. doi: 10.1534/genetics.104.117275

9. Bruno S, Rovelli G, Landi V, et al. Validation of selection signatures for coat color in the Podolica Italiana gray cattle breed. Frontiers in Genetics. 2024;15:1453295. doi: 10.3389/fgene.2024.1453295

10. Cardoso TF, Bruscadin JJ, Afonso J, et al. EEF1A1 transcription cofactor gene polymorphism is associated with muscle gene expression and residual feed intake in Nelore cattle. Mamm Genome. 2022;33(4):619-628. doi: 10.1007/s00335-022-09959-8

11. Cavanagh CR, Jonas E, Hobbs M, et al. 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(1):36. doi: 10.1186/1297-9686-42-36

12. Davies G, Stear MJ, Benothman M, et al. Quantitative trait loci associated with parasitic infection in Scottish blackface sheep. Heredity (Edinb). 2006;96(3):252-258. doi: 10.1038/sj.hdy.6800788

13. de Faria DA, do Prado Paim T, Dos Santos CA, et al. Selection signatures for heat tolerance in Brazilian horse breeds. Mol Genet Genomics. 2022;297(2):449-462. doi: 10.1007/s00438-022-01862-w

14. Deniskova TE, Dotsev AV, Selionova MI, et al. Population structure and genetic diversity of 25 Russian sheep breeds based on whole-genome genotyping. Genetics, Selection, Evolution. 2018;50(1):29. doi: 10.1186/s12711-018-0399-5

15. Fariello MI, Boitard S, Naya H, et al. Detecting signatures of selection through haplotype differentiation among hierarchically structured populations. Genetics. 2013;193(3):929-941. doi: 10.1534/genetics.112.147231

16. Fujiwara T, Ye S, Castro-Gomes T, et al. PLEKHM1/DEF8/RAB7 complex regulates lysosome positioning and bone homeostasis. JCI Insight. 2016;1(17):e86330. doi: 10.1172/jci.insight.86330

17. Fullard K, Margawati ET, Thomson PC, Raadsma HW. QTL for testis size in ram lambs as an indicator of ovulation rate in an Indonesian Thin Tail by Merino resource flock. Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, August 13-18, 2006, Belo Horizonte, MG, Brasil. 2006:4-22.

18. Gutiérrez-Gil B, Pérez J, Alvarez L, et al. Quantitative trait loci for resistance to trichostrongylid infection in Spanish Churra sheep. Genetics, Selection, Evolution. 2009;41(1):46. doi: 10.1186/1297-9686-41-46

19. He Y, Huang Y, Wang S, Zhang L, et al. Hereditary basis of coat color and excellent feed conversion rate of red Angus cattle by next-generation sequencing data. Animals (Basel). 2022;12(12):1509. doi: 10.3390/ani12121509

20. Jonas E, Thomson PC, Hall EJ, et al. Mapping quantitative trait loci (QTL) in sheep. IV. Analysis of lactation persistency and extended lactation traits in sheep. Genetics, Selection, Evolution. 2011;43(1):22. doi: 10.1186/1297-9686-43-22

21. Kherraf ZE, Barbotin AL, Martinez G, et al. A splice donor variant of GAS8 induces structural disorganization of the axoneme in sperm flagella and leads to nonsyndromic male infertility. Clinical Genetics. 2024;105(2):220-225. doi: 10.1111/cge.14450

22. Kijas JW, Serrano M, McCulloch R, et al. Genomewide association for a dominant pigmentation gene in sheep. J Anim Breed Genet. 2013;130(6):468-475. doi: 10.1111/jbg.12048

23. Kim Y, Yin J, Huang H, et al. Genome-wide association study of actinic keratosis identifies new susceptibility loci implicated in pigmentation and immune regulation pathways. Communications biology. 2022;5(1):386. doi: 10.1038/s42003-022-03301-3

24. Li C, Wang X, Li H, et al. Whole-genome resequencing reveals diversity and selective signals in the Wuxue goat. Animal Genetics. 2024;55(4):575-587. doi: 10.1111/age.13437

25. Luan Y, Wu S, Wang M, et al. Identification of critical genes for ovine horn development based on transcriptome during embryonic period. Biology. 2023;12(4):591. doi: 10.3390/biology12040591

26. Ma GW, Wang SZ, Wang N, et al. A study of combined genotype effects of SHCBP1 on wool quality traits in Chinese Merino. Biochemical Genetics. 2023;61(2):551-564. doi: 10.1007/s10528-022-10268-7

27. Ma L, Zhao W, Ma Q, et al. Genome-wide association study of birth wool length, birth weight, and head color in Chinese tan sheep through whole-genome re-sequencing. Animals (Basel). 2024;14(23):3495. doi: 10.3390/ani14233495

28. Ma X, Cheng H, Liu Y et al. Assessing genomic diversity and selective pressures in Bohai black cattle using whole-genome sequencing data. Animals (Basel). 2022;12(5):665. doi: 10.3390/ani12050665.

29. Mohammadi H, Moradi MH, Khaltabadi Farahani AH. Genome-wide association study and pathway analysis for identifying the genes associated with coat color in Lori-Bakhtiari sheep breed. Iranian Journal of Animal Science. 2022;53(3):153-160. doi: 10.22059/ijas.2022.329848.653846

30. Mousavi SF, Razmkabir M, Rostamzadeh J, et al. Genetic diversity and signatures of selection in four indigenous horse breeds of Iran. Heredity (Edinb). 2023;131(2):96-108. doi: 10.1038/s41437-023-00624-7

31. Patiabadi Z, Razmkabir M, Esmailizadeh Koshkoiyeh A, et al. Whole-genome scan for selection signature associated with temperature adaptation in Iranian sheep breeds. PLoS One. 2024;19(8):e0309023. doi: 10.1371/journal.pone.0309023

32. Romaniuk E, Vera B, Peraza P, Ciappesoni G, Damian JP, van Lier E. Identification of candidate genes and pathways linked to temperament trait in sheep. Genes. 2024;15(2):229. doi: 10.3390/genes15020229

33. Sahoo B, Gupta MK. Transcriptome analysis reveals spermatogenesis-related circRNAs and lncRNAs in goat spermatozoa. BioChem Genet. 2024;62(3):2010-2032. doi: 10.1007/s10528-023-10520-8

34. Sallam AM, Reyer H, Wimmers K, et al. Genome-wide landscape of runs of homozygosity and differentiation across Egyptian goat breeds. BMC Genomics. 2023;24(1):573. doi: 10.1186/s12864-023-09679-6

35. Sun X, Niu Q, Jiang J, et al. Identifying candidate genes for litter size and three morphological traits in Youzhou dark goats based on genome-wide SNP markers. Genes. 2023;14(6):1183. doi: 10.3390/genes14061183

36. Tian D, Han B, Li X, et al. Genetic diversity and selection of Tibetan sheep breeds revealed by whole-genome resequencing. Anim Biosci. 2023;36(7):991-1002. doi: 10.5713/ab.22.0432

37. Wang J, Zhou H, Hickford JGH, et al. Comparison of the transcriptome of the ovine mammary gland in lactating and non-lactating small-tailed han sheep. Front Genet. 2020;11:472. doi: 10.3389/fgene.2020.00472

38. Wang JJ, Li ZD, Zheng LQ, et al. Genome-wide detection of selective signals for fecundity traits in goats (Capra hircus). Gene. 2022;818:146221. doi: 10.1016/j.gene.2022.146221

39. Wiedemar N, Drögemüller C. A 1.8-kb insertion in the 3'-UTR of RXFP2 is associated with polledness in sheep. Anim Genet. 2015;46(4):457-461. doi: 10.1111/age.12309

40. Wu X, Xu L, Zhang H, et al. Genome-wide selection sweep analysis to identify candidate genes with black and brown color in Tibetan sibu yaks. Animals. 2024;14(17):2458. doi: 10.3390/ani14172458

41. Yuan Z, Liu E, Liu Z, et al. Selection signature analysis reveals genes associated with tail type in Chinese indigenous sheep. Anim Genet. 2017;48(1):55-66. doi: 10.1111/age.12477

42. Zhang W, Luosang C, Yuan C, et al. Selection signatures of wool color in Gangba sheep revealed by genome-wide SNP discovery. BMC Genomics. 2024;25(1):606. doi: 10.1186/s12864-024-10464-2

43. Zhang W, Yang M, Zhou M, et al. Identification of signatures of selection by whole-genome resequencing of a Chinese native pig. Front Genet. 2020;11:566255. doi: 10.3389/fgene.2020.566255

References

1. Amirova RI, Gubaydullin NM, Kosilov VI. Quality of meat products of young Romanov breed by age period. Izvestia Orenburg State Agrarian University. 2025;3(113):317-321. doi: 10.37670/2073-0853-2025-113-3-317-321

2. Kostylev MN, Ilyina AV, Abramova MV, Barysheva MS, Malina YuI, Evdokimov EG, Yuldashbaev YuA, Chylbak-ool SO, Abdulmuslimov AM. Genetic markers of meat productivity of the Romanov sheep breed: IGFBP-3, GHo и CAST. Agrarian Science. 2020;343(11):36-40. doi: 10.32634/0869-8155-2020-343-11-36-40

3. Dvalishvili VG. Romanov breed of sheep, methods of increasing meat productivity. Collection of scientific papers of the All-Russian Scientific Research Institute of Sheep and Goat Breeding. Stavropol; 2017;1(10):88-96.

4. Dvalishvili VG. Creation of meat-fur – coat type in the Romanov breed of sheep, with high resistance and high meat qualities. VetPharma Farm Animals. 2013;1:62-66.

5. Krivoruchko AY, Yatsyk OA, Safaryan EY. Candidate genes for productivity identified by genome-wide association study with indicators of class in the Russian meat merino sheep breed. Vavilov Journal of Genetics and Breeding. 2020;24(8):836-843. doi: 10.18699/VJ20.681

6. Saprikina TYu, Krivoruchko AYu, Yatsyk OA, Krivoruchko ON. Search for new candidate genes affecting fat thickness in Jalgin Merino sheep using a genome-wide association study. Animal Husbandry and Fodder Production. 2023;106(2):30-42. doi: 10.33284/2658-3135-106-2-30

7. Beraldi D, McRae AF, Gratten J, et al. Development of a linkage map and mapping of phenotypic polymorphisms in a free-living population of Soay sheep (Ovis aries). Genetics. 2006;173(3):1521-1537. doi: 10.1534/genetics.106.057141

8. Bonhomme M, Chevalet C, Servin B, et al. Detecting selection in population trees: the Lewontin and Krakauer test extended. Genetics. 2010;186(1):241-262. doi: 10.1534/genetics.104.117275

9. Bruno S, Rovelli G, Landi V, et al. Validation of selection signatures for coat color in the Podolica Italiana gray cattle breed. Frontiers in Genetics. 2024;15:1453295. doi: 10.3389/fgene.2024.1453295

10. Cardoso TF, Bruscadin JJ, Afonso J, et al. EEF1A1 transcription cofactor gene polymorphism is associated with muscle gene expression and residual feed intake in Nelore cattle. Mamm Genome. 2022;33(4):619-628. doi: 10.1007/s00335-022-09959-8

11. Cavanagh CR, Jonas E, Hobbs M, et al. 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(1):36. doi: 10.1186/1297-9686-42-36

12. Davies G, Stear MJ, Benothman M, et al. Quantitative trait loci associated with parasitic infection in Scottish blackface sheep. Heredity (Edinb). 2006;96(3):252-258. doi: 10.1038/sj.hdy.6800788

13. de Faria DA, do Prado Paim T, Dos Santos CA, et al. Selection signatures for heat tolerance in Brazilian horse breeds. Mol Genet Genomics. 2022;297(2):449-462. doi: 10.1007/s00438-022-01862-w

14. Deniskova TE, Dotsev AV, Selionova MI, et al. Population structure and genetic diversity of 25 Russian sheep breeds based on whole-genome genotyping. Genetics, Selection, Evolution. 2018;50(1):29. doi: 10.1186/s12711-018-0399-5

15. Fariello MI, Boitard S, Naya H, et al. Detecting signatures of selection through haplotype differentiation among hierarchically structured populations. Genetics. 2013;193(3):929-941. doi: 10.1534/genetics.112.147231

16. Fujiwara T, Ye S, Castro-Gomes T, et al. PLEKHM1/DEF8/RAB7 complex regulates lysosome positioning and bone homeostasis. JCI Insight. 2016;1(17):e86330. doi: 10.1172/jci.insight.86330

17. Fullard K, Margawati ET, Thomson PC, Raadsma HW. QTL for testis size in ram lambs as an indicator of ovulation rate in an Indonesian Thin Tail by Merino resource flock. Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, August 13-18, 2006, Belo Horizonte, MG, Brasil. 2006:4-22.

18. Gutiérrez-Gil B, Pérez J, Alvarez L, et al. Quantitative trait loci for resistance to trichostrongylid infection in Spanish Churra sheep. Genetics, Selection, Evolution. 2009;41(1):46. doi: 10.1186/1297-9686-41-46

19. He Y, Huang Y, Wang S, Zhang L, et al. Hereditary basis of coat color and excellent feed conversion rate of red Angus cattle by next-generation sequencing data. Animals (Basel). 2022;12(12):1509. doi: 10.3390/ani12121509

20. Jonas E, Thomson PC, Hall EJ, et al. Mapping quantitative trait loci (QTL) in sheep. IV. Analysis of lactation persistency and extended lactation traits in sheep. Genetics, Selection, Evolution. 2011;43(1):22. doi: 10.1186/1297-9686-43-22

21. Kherraf ZE, Barbotin AL, Martinez G, et al. A splice donor variant of GAS8 induces structural disorganization of the axoneme in sperm flagella and leads to nonsyndromic male infertility. Clinical Genetics. 2024;105(2):220-225. doi: 10.1111/cge.14450

22. Kijas JW, Serrano M, McCulloch R, et al. Genomewide association for a dominant pigmentation gene in sheep. J Anim Breed Genet. 2013;130(6):468-475. doi: 10.1111/jbg.12048

23. Kim Y, Yin J, Huang H, et al. Genome-wide association study of actinic keratosis identifies new susceptibility loci implicated in pigmentation and immune regulation pathways. Communications biology. 2022;5(1):386. doi: 10.1038/s42003-022-03301-3

24. Li C, Wang X, Li H, et al. Whole-genome resequencing reveals diversity and selective signals in the Wuxue goat. Animal Genetics. 2024;55(4):575-587. doi: 10.1111/age.13437

25. Luan Y, Wu S, Wang M, et al. Identification of critical genes for ovine horn development based on transcriptome during embryonic period. Biology. 2023;12(4):591. doi: 10.3390/biology12040591

26. Ma GW, Wang SZ, Wang N, et al. A study of combined genotype effects of SHCBP1 on wool quality traits in Chinese Merino. Biochemical Genetics. 2023;61(2):551-564. doi: 10.1007/s10528-022-10268-7

27. Ma L, Zhao W, Ma Q, et al. Genome-wide association study of birth wool length, birth weight, and head color in Chinese tan sheep through whole-genome re-sequencing. Animals (Basel). 2024;14(23):3495. doi: 10.3390/ani14233495

28. Ma X, Cheng H, Liu Y et al. Assessing genomic diversity and selective pressures in Bohai black cattle using whole-genome sequencing data. Animals (Basel). 2022;12(5):665. doi: 10.3390/ani12050665.

29. Mohammadi H, Moradi MH, Khaltabadi Farahani AH. Genome-wide association study and pathway analysis for identifying the genes associated with coat color in Lori-Bakhtiari sheep breed. Iranian Journal of Animal Science. 2022;53(3):153-160. doi: 10.22059/ijas.2022.329848.653846

30. Mousavi SF, Razmkabir M, Rostamzadeh J, et al. Genetic diversity and signatures of selection in four indigenous horse breeds of Iran. Heredity (Edinb). 2023;131(2):96-108. doi: 10.1038/s41437-023-00624-7

31. Patiabadi Z, Razmkabir M, Esmailizadeh Koshkoiyeh A, et al. Whole-genome scan for selection signature associated with temperature adaptation in Iranian sheep breeds. PLoS One. 2024;19(8):e0309023. doi: 10.1371/journal.pone.0309023

32. Romaniuk E, Vera B, Peraza P, Ciappesoni G, Damian JP, van Lier E. Identification of candidate genes and pathways linked to temperament trait in sheep. Genes. 2024;15(2):229. doi: 10.3390/genes15020229

33. Sahoo B, Gupta MK. Transcriptome analysis reveals spermatogenesis-related circRNAs and lncRNAs in goat spermatozoa. BioChem Genet. 2024;62(3):2010-2032. doi: 10.1007/s10528-023-10520-8

34. Sallam AM, Reyer H, Wimmers K, et al. Genome-wide landscape of runs of homozygosity and differentiation across Egyptian goat breeds. BMC Genomics. 2023;24(1):573. doi: 10.1186/s12864-023-09679-6

35. Sun X, Niu Q, Jiang J, et al. Identifying candidate genes for litter size and three morphological traits in Youzhou dark goats based on genome-wide SNP markers. Genes. 2023;14(6):1183. doi: 10.3390/genes14061183

36. Tian D, Han B, Li X, et al. Genetic diversity and selection of Tibetan sheep breeds revealed by whole-genome resequencing. Anim Biosci. 2023;36(7):991-1002. doi: 10.5713/ab.22.0432

37. Wang J, Zhou H, Hickford JGH, et al. Comparison of the transcriptome of the ovine mammary gland in lactating and non-lactating small-tailed han sheep. Front Genet. 2020;11:472. doi: 10.3389/fgene.2020.00472

38. Wang JJ, Li ZD, Zheng LQ, et al. Genome-wide detection of selective signals for fecundity traits in goats (Capra hircus). Gene. 2022;818:146221. doi: 10.1016/j.gene.2022.146221

39. Wiedemar N, Drögemüller C. A 1.8-kb insertion in the 3'-UTR of RXFP2 is associated with polledness in sheep. Anim Genet. 2015;46(4):457-461. doi: 10.1111/age.12309

40. Wu X, Xu L, Zhang H, et al. Genome-wide selection sweep analysis to identify candidate genes with black and brown color in Tibetan sibu yaks. Animals. 2024;14(17):2458. doi: 10.3390/ani14172458

41. Yuan Z, Liu E, Liu Z, et al. Selection signature analysis reveals genes associated with tail type in Chinese indigenous sheep. Anim Genet. 2017;48(1):55-66. doi: 10.1111/age.12477

42. Zhang W, Luosang C, Yuan C, et al. Selection signatures of wool color in Gangba sheep revealed by genome-wide SNP discovery. BMC Genomics. 2024;25(1):606. doi: 10.1186/s12864-024-10464-2

43. Zhang W, Yang M, Zhou M, et al. Identification of signatures of selection by whole-genome resequencing of a Chinese native pig. Front Genet. 2020;11:566255. doi: 10.3389/fgene.2020.566255

Информация об авторах:

Татьяна Евгеньевна Денискова, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник, заведующая лаборатории молекулярной генетики сельскохозяйственных животных, Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста, 142132, Московская область, городской округ Подольск, п. Дубровицы, д. 60.

Александра Сергеевна Абдельманова, доктор биологических наук, старший научный сотрудник лаборатории генетического мониторинга ресурсов сельскохозяйственных животных, Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста, 142132, Московская область, городской округ Подольск, п. Дубровицы, д. 60.

Information about the authors:

Tatyana E Deniskova, Cand. Sci. (Biology), Leading Researcher, Head of the Laboratory of Molecular Genetics of Farm Animals, Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member LK Ernst, 60 Dubrovitsy village, Podolsk City district, Moscow region, 142132.

Alexandra S Abdelmanova, Dr. Sci. (Biology), Senior Researcher, Laboratory of Genetic Monitoring of Livestock Resources, Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member LK Ernst, 60 Dubrovitsy village, Podolsk City district, Moscow region, 142132.

Статья поступила в редакцию 20.01.2026; одобрена после рецензирования 20.02.2026; принята к публикации 16.03.2026.

The article was submitted 20.01.2026; approved after reviewing 20.02.2026; accepted for publication 16.03.2026.