

Животноводство и кормопроизводство. 2023. Т. 106, № 2. С. 30-42.  
Animal Husbandry and Fodder Production. 2023. Vol. 106, no 2. P. 30-42.

Научная статья  
УДК 636.32/.38:636.082.12  
doi:10.33284/2658-3135-106-2-30

**Поиск новых генов-кандидатов, влияющих на толщину жира у овец породы джалгинский меринос, с использованием полногеномного исследования ассоциаций**

**Татьяна Юрьевна Саприкина<sup>1,5</sup>, Александр Юрьевич Криворучко<sup>2,6</sup>, Олеся Андреевна Яцык<sup>3,7</sup>, Ольга Николаевна Криворучко<sup>4</sup>**

<sup>1,2,3,4</sup>Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр, Михайловск, Россия

<sup>5,6,7</sup>Северо-Кавказский федеральный университет, Ставрополь, Россия

<sup>1,5</sup>saprikina.tanya@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-5306-795X>

<sup>2,6</sup>rcvm@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0003-4536-1814>

<sup>3,7</sup>malteze@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-2730-2482>

<sup>4</sup>rcvm@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0003-4536-1814>

**Аннотация.** Растущий спрос на баранину требует современных селекционных решений, направленных на повышение мясной продуктивности у овец местных пород. Благодаря передовым разработкам молекулярной генетики в овцеводство успешно внедряются методы, с помощью которых проводится отбор животных по генотипу с нужными признаками. Одним из них является технология полногеномного ассоциативного поиска, основанная на выявлении связи между однонуклеотидной заменой и параметром фенотипа. В материалах статьи представлены результаты ассоциативного анализа, направленного на поиск новых генов-кандидатов, связанных с толщиной жира в поясничной области у овец породы джалгинский меринос. Всего обнаружено 18 однонуклеотидных замен, достоверно связанных с исследуемым показателем. По результатам проведенного анализа локализации SNP в геноме овец предложено 14 генов-кандидатов, которые с высокой степенью вероятности могут контролировать отложение жировой ткани в поясничной области: *MREG*, *KRT20*, *FZD6*, *ENSOARG00000012396*, *ENSOARG00000013197*, *ENSOARG00000026426*, *ASIC2*, *PYMI*, *TRPC1*, *UBL4B*, *SOX6*, *TCF7L2*, *SHLD1*, *UNC13C*. Дальнейшие исследования помогут более детально изучить структурные особенности предложенных генов, а также выяснить механизм их влияния на фенотипическое проявление хозяйственно полезных признаков у пород овец отечественной селекции.

**Ключевые слова:** овцеводство, джалгинский меринос, мясная продуктивность, толщина жира, полногеномный поиск ассоциаций, гены-кандидаты, однонуклеотидный полиморфизм

**Благодарности:** работа выполнена при поддержке Российского научного фонда, проект № 22-26-20009.

**Для цитирования:** 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. <https://doi.org/10.33284/2658-3135-106-2-30>

Original article

**Search for new candidate genes affecting fat thickness in Jalgin Merino sheep using a genome-wide association study**

**Tatyana Yu Saprikina<sup>1,5</sup>, Alexander Yu Krivoruchko<sup>2,6</sup>, Olesya A Yatsyk<sup>3,7</sup>, Olga N Krivoruchko<sup>4</sup>**

<sup>1,2,3,4</sup>North Caucasus Federal Agrarian Research Centre, Mikhailovsk, Russia

<sup>5,6,7</sup>North Caucasus Federal University, Stavropol, Russia

<sup>1,5</sup>saprikina.tanya@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-5306-795X>

<sup>2,6</sup>rcvm@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0003-4536-1814>

<sup>3,7</sup>malteze@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-2730-2482>

<sup>4</sup>rcvm@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0003-4536-1814>

**Abstract.** The growing demand for mutton requires modern breeding solutions aimed at increasing the meat productivity of sheep of local breeds. Thanks to modern developments in molecular genetics,

methods are being successfully introduced into sheep breeding, with the help of which animals are selected according to the genotype with the necessary characteristics. One of them is the technology of genome-wide association search based on the identification of the relationship between a single nucleotide substitution and the phenotype parameter. The article presents the results of an associative analysis aimed at finding new candidate genes associated with the thickness of fat in the lumbar region in Jalgin Merino sheep. A total of 18 single-nucleotide substitutions were found that were reliably associated with the studied indicator. According to the results of the analysis of the localization of SNP in the sheep genome, 14 candidate genes have been proposed, which with a high degree of probability can control the deposition of adipose tissue in the lumbar region: *MREG*, *KRT20*, *FZD6*, *ENSOARG00000012396*, *ENSOARG00000013197*, *ENSOARG00000026426*, *ASIC2*, *PYMI*, *TRPC1*, *UBL4B*, *SOX6*, *TCF7L2*, *SHLD1*, *UNC13C*. Further research will help to study the structural features of the proposed genes in more detail, as well as to find out the mechanism of their influence on the phenotypic manifestation of economically useful traits in domestic sheep breeds.

**Keywords:** sheep breeding, Jalgin Merino, meat productivity, fat thickness, genome-wide association study, candidate genes, single-nucleotide polymorphism

**Acknowledgments:** the work was supported by the Russian Science Foundation, Project No. 22-26-20009.

**For citation:** 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.). <https://doi.org/10.33284/2658-3135-106-2-30>

## **Введение.**

Последние достижения современной генетики дали толчок для развития и внедрения в овцеводство методов маркерной и геномной селекций, основанных на изучении особенностей генома овец. Их принцип заключается в выявлении связи между продуктивным признаком и генетическим маркером, полиморфный вариант которого контролирует проявление исследуемого параметра (Белая Е.В. и др., 2022).

В последнее время большинство исследований посвящены поиску новых генов, влияющих на мясную продуктивность у овец различных пород. В первую очередь, это связано с общемировым повышением спроса на баранину (Бобрышова Г.Т. и др., 2021). Для идентификации новых генов-кандидатов используется полногеномный поиск ассоциаций (Genome-Wide Association Study, GWAS). Он основан на выявлении связи между однонуклеотидной заменой (Single-nucleotide polymorphism, SNP), расположенной внутри или рядом с каким-либо геном, и фенотипическим проявлением признака (Криворучко А.Ю. и др., 2021а). Так, у овец породы ху (Hu) при помощи GWAS предложены гены *KITLG*, *CADM2*, *MCTP1*, *COL4A6*, ассоциированные с параметрами «высота в крестце» и «обхват груди» (Jiang J et al., 2021).

Для точности оценки продуктивных качеств животного зарубежные селекционеры используют прижизненные параметры, которые пока недостаточно активно применяются в отечественной селекции. К ним относится толщина жира в поясничной области, которая является одним из важных показателей выхода мяса и качества туши (Криворучко А.Ю. и др., 2021б).

Для проведения полногеномного поиска ассоциаций с параметром «толщина жира» нами выбрана порода джалгинский меринос. Животные данной породы хорошо адаптированы к засушливому степному климату. Отличаются высокими шерстными и мясными качествами. Так, живая масса баранов в среднем составляет более 120 кг, овцематок – более 50 кг (Сердюков И.Г. и др., 2017). Животные обладают большим потенциалом по увеличению мясной продуктивности, поэтому порода джалгинский меринос относится к одной из самых перспективных для использования в мясном овцеводстве.

**Цель исследования.**

При помощи полногеномного поиска ассоциаций выявить новые гены-кандидаты, влияющие на толщину жира у овец породы джалгинский меринос.

**Материалы и методы исследования.**

**Объект исследования.** Бараны породы джалгинский меринос в возрасте 12 месяцев, разводимые в СПК «Племзавод Вторая Пятилетка» Ипатовского района Ставропольского края.

Обслуживание животных и экспериментальные исследования были выполнены в соответствии с инструкциями и рекомендациями российских нормативных актов (1987 г.; Приказ Минздрава СССР No 755 от 12.08.1977 «О мерах по дальнейшему совершенствованию организационных форм работы с использованием экспериментальных животных») и «Guide for the Care and Use of Laboratory Animals» (National Academy Press, Washington, D.C., 1996). При проведении исследований были предприняты меры для обеспечения минимума страданий животных и уменьшения количества исследуемых опытных образцов.

**Схема эксперимента.** Исследования проводились в 2021 году на базе лабораторий Всероссийского научно-исследовательского института овцеводства и козоводства-филиала ФГБНУ «Северо-Кавказский Федеральный научный аграрный центр», Сколковского института науки и технологий «Сколтех», научно-диагностического и лечебного ветеринарного центра ФГБОУ ВО «Ставропольский государственный аграрный университет». Отобранные животные (n=50) были клинически здоровыми и содержались в оптимальных условиях.

Параметр «толщина жира» определяли в области 1-2 поясничных позвонков с помощью переносного аппарата УЗИ Edan DUS 60 VET (линейный датчик, частота 5,0 МГц) после выстригания шерсти. В результате измерений в выборке баранов среднее значение толщины жира составило  $3,47 \pm 0,06$  мм.

Геномная ДНК получена из образцов цельной крови, взятой в асептических условиях из яремной вены, при помощи набора Pure Link Genomic DNA MiniKit (Invitrogen Life Technologies, США) в соответствии с протоколом производителя. Генотипирование проводили с применением Ovine Infinium HD BeadChip 600K (Illumina Inc., Калифорния, США) согласно протоколу производителя. Для первоначальной обработки результатов генотипирования была использована программа Genome Studio 2.0 (Illumina Inc., Калифорния, США).

Контроль качества генотипирования проводился с помощью программы PLINK V.1.07. В обработку данных были включены образцы с показателем количества обнаруженных SNP (Call Rate) более 0,95. Из 606 006 SNP для дальнейшего анализа полученных результатов было использовано 560 813 замен.

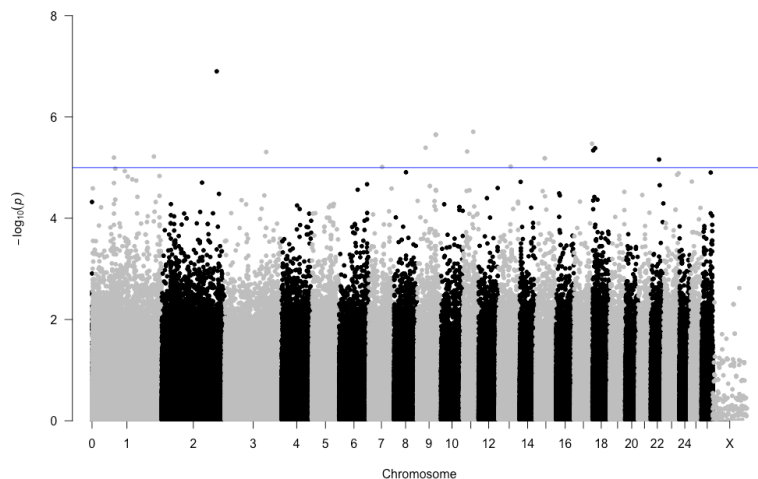
Поиск генов-кандидатов осуществлялся среди ближайших генов, расположенных на расстоянии, не превышающем 250 000 п.н. (половина сантиморганиды) от SNP, показавших достоверную ассоциацию с толщиной жира в поясничном отделе. Картирование однонуклеотидных замен проводили с помощью сборки генома Oag\_v3.1. Аннотирование генов-кандидатов выполняли с использованием геномных браузеров UCSC Genome Browser ([www.genome.ucsc.edu](http://www.genome.ucsc.edu), UCSC, США) и Ensembl ([www.ensembl.org](http://www.ensembl.org), EMBL-EBI, Англия).

**Оборудование и технические средства.** Переносной аппарат УЗИ Edan DUS 60 VET («Edan Instruments», Китай); набор для выделения геномной ДНК Pure Link Genomic DNA MiniKit (Invitrogen Life Technologies, США); ДНК-чипы высокой плотности Ovine Infinium HD BeadChip 600K (Illumina Inc., Калифорния, США); программное обеспечение Genome Studio 2.0 (Illumina Inc., Калифорния, США).

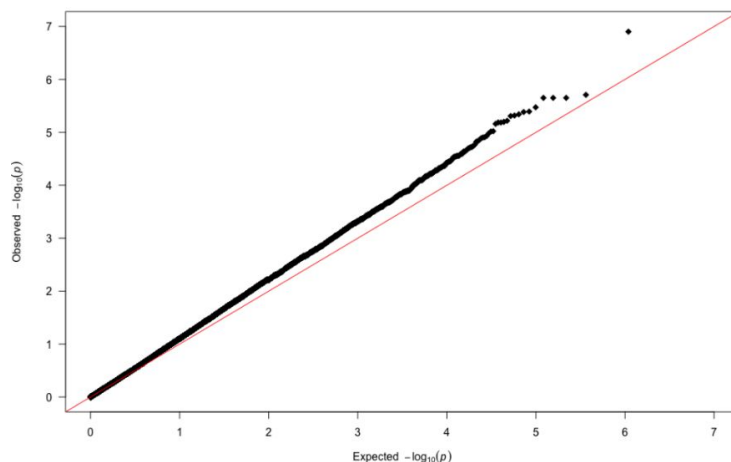
**Статистическая обработка.** Полногеномный поиск ассоциаций проводился с использованием программного обеспечения PLINK V.1.07 (Англия), на основе оценки значимости ассоциации SNP с исследуемым прижизненным признаком мясной продуктивности овец – толщиной жира. Визуализация и построение графиков осуществлялось с помощью пакета «Qqman» на языке программирования «R».

**Результаты исследования.**

По результатам ассоциативного исследования, проведённого для параметра «толщина жира», выявлено 18 однонуклеотидных замен, достоверно связанных с признаком. Обнаруженные SNP, локализованные на разных хромосомах, преодолели пороговое значение достоверности, равное  $-\log_{10}(p)=5$  (рис. 1). Отклонение от нулевой гипотезы, которое демонстрирует Q-Q-график, начинается от  $-\log_{10}(p)>5$  и достигает максимума в районе  $-\log_{10}(p)=6$  (рис. 2).



**Рис. 1 – Распределение выявленных SNP, достоверно связанных с показателем «толщина жира», по всему геному у овец породы джалгинский меринос**  
**Figure 1 – Distribution of identified SNPs, reliably associated with the indicator "fat thickness", throughout the genome in Jalgin Merino sheep**



**Рис. 2 – Q-Q график, демонстрирующий отклонение от нулевой гипотезы. Точками обозначены значения  $-\log_{10}(p)$  для отдельных SNP**  
**Figure 1 – Q-Q-plot showing the deviation from the null hypothesis. The dots represent the values  $-\log_{10}(p)$  for individual SNPs**

Обнаруженные замены, показавшие высоко достоверные результаты ассоциации с параметром «толщина жира», использованы для поиска новых генов-кандидатов. Анализ локализации выявленных SNP демонстрирует их местоположение на 1, 2, 3, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 18, 22 хромосомах, причём четыре из них находятся на хромосоме 9 (табл. 1). Семь однонуклеотидных полиморфизмов расположены в интронах генов, один – в Upstream-регионе. Девять замен относятся к меж-

генным вариантам и находятся на расстоянии 6-73 т.п.н от ближайшего гена. Полиморфизм rs410349042 располагается на расстоянии, превышающем наш критерий в 250 т.п.н., поэтому не подходит по критериям отбора для дальнейшего изучения.

Распределение частот минорного аллеля наблюдается в диапазоне от 0,42 до 0,17 (табл. 1).

Таблица 1. SNP, показавшие высокую степень ассоциации с параметром «толщина жира» у овец породы джалгинский меринос

Table 1. SNPs that showed a high degree of association with the "fat thickness" parameter in Jalgin merino sheep

№	SNP / SNPs	Хромосома/ позиция / Chromosome /position	P	Минорный аллель/частота / Minor allele/ frequency	Ген/расстояние до гена / Gene/distance to gene
1.	rs420787493	2/ 216958135	1.256e-07	T/ 0,41	<i>MREG</i> / интрон 2-3 /
2.	rs404092476	11/ 40665455	1.961e-06	C/ 0,37	<i>KRT20</i> / 18 705 п.н. /
3.	rs400604822	9/ 73908694		C/ 0,19	
4.	rs425102210	9/ 73915521	2.238e-06	T/ 0,25	<i>FZD6</i> / интрон 1-2 /
5.	rs419561696	9/ 73922648		T/ 0,31	
6.	rs428370184	17/ 70165571	3.372e-06	C/ 0,15	<i>ENSOARG00000012396</i> / 6 005 п.н. /
7.	rs423934714	9/ 33654389	4.054e-06	C/ 0,28	<i>ENSOARG00000013197</i> / 28 112 п.н. /
8.	rs405614602	18/ 10153099	4.142e-06	C/ 0,4	<i>ENSOARG00000026426</i> / 63 534 п.н. /
9.	rs410349042	18/ 2455608	4.577e-06	G/ 0,36	<i>GABRB3</i> / –
10.	rs412766129	11/ 16708224	4.814e-06	A/ 0,35	<i>ASIC2</i> / 133 390 п.н.
11.	rs416601219	3/ 163310966	4.926e-06	C/ 0,17	<i>PYMI</i> / 179 п.н. / <i>upstream gene variant</i>
12.	rs428129415	1/ 244350318	6.048e-06	T/ 0,27	<i>TRPCI</i> / интрон 2-3 /
13.	rs429033215	1/ 86584794	6.345e-06	C/ 0,42	<i>UBL4B</i> / 14 941 п.н. /
14.	rs413558008	15/ 36169206		G/ 0,36	<i>SOX6</i> / 68 974 п.н. /
15.	rs419543416	15/ 36174137	6.533e-06	A/ 0,29	<i>SOX6</i> / 73 905 п.н. /
16.	rs398171518	22/ 32520933	6.923e-06	A/ 0,2	<i>TCF7L2</i> / 65 530 п.н. /
17.	rs424527032	13/ 47227022	9.537e-06	C/ 0,37	<i>SHLD1</i> / интрон 1-2 /
18.	rs418470569	7/ 52935068	9.695e-06	A/ 0,29	<i>UNC13C</i> / интрон 15-16/

#### Обсуждение полученных результатов.

Замена rs420787493 показала самую высокую достоверность ассоциации. Она расположена на хромосоме 2 в интроне гена *MREG* (Melanoregulin), кодирующего белок меланорегулин. Функциональная роль этого гена у овец не описана. Гомологами являются ген *MREG* человека и мыши домовый. Наиболее ярко выражена экспрессия в слизистой оболочке пищевода, коже и мозжечке. Меланорегулин играет роль в регуляции переноса везикул, содержащих меланосомы, из меланоцитов в кератиноциты. Это обеспечивает защиту последних от вредоносного воздействия ультрафиолетового излучения и регулирует окрас шерсти и кожи. Может выступать в роли рецептора в мембране меланосомы для белкового продукта гена *RILP* (Rab interacting lysosomal protein) и его комплекса с *DCTN1* (dynactin subunit 1), которые влияют на обратный транспорт органеллы от отростков клетки к её центру (Frost LS et al., 2015). Меланорегулин идентифицирован как внутриклеточный белок, влияющий на распределение веществ, принимающих участие при распаде зрительного пигмента родопсина и, как следствие, играет роль при деградации дисков наружного сегмента фоторецептора (палочек). *MREG* необходим для высвобождения продуктов распада из фагосом. Также этот белок важен при активации лизосомальных ферментов из клеток пигментного эпителия сетчатки, которые предотвращают накопление А2Е – компонента липофусцина – пигмента старе-

ния клеток (Frost L.S. et al., 2015). Участие в большом количестве биологических процессов позволяет рекомендовать этот ген в качестве кандидата, влияющего на отложение жира у овец.

На хромосоме 11 обнаруженная мутация rs404092476 относится к межгенному варианту. Находится в области гена *KRT20* (keratin 20). Среди гомологов наиболее близкими являются гены *KRT20* человека, коровы и мыши домового. Белковый продукт представлен белком кератин 20, экспрессия которого наблюдается в слизистой оболочке желудка, тонком и толстом кишечнике, а также в клетках Меркеля и нейроэндокринных клетках. Относится к цитокинам I типа. Является одним из основных компонентов цитоскелета энтероцитов и бокаловидных клеток, отвечает за структурную целостность эпителиальных клеток кишечника. Кератин 20 участвует в передаче тактильных сигналов от механорецепторов кожи – клеток Меркеля в соответствующий отдел спинного мозга. Также играет роль в работе сигнального пути PI3K/AKT/mTOR, который регулирует клеточный цикл, включая апоптоз, метаболизм, рост и пролиферацию клеток (Ouyang S and Kang W, 2022). При фосфорилировании мембраны играет роль в секреции муцина в тонком кишечнике (Ouyang S and Kang W, 2022). Все перечисленные функции гена *KRT20* дают основание отнести его к потенциальным генам-кандидатам, влияющим на мясные качества у породы джалгинский меринос.

Три замены – rs400604822, rs425102210, rs419561696 выявлены в интронной области гена *FZD6* (frizzled class receptor 6). В геноме овец ген локализуется на хромосоме 9, аннотация которого пока не описана. Для характеристики был взят гомологичный ген *FZD6* человека. Другими гомологами являются ген *FZD6* мыши домового и курицы. Экспрессируется в костной ткани, поджелудочной железе, сердце. Принадлежит к семейству «вьющиеся» (Frizzled), члены которого представлены рецепторами сигнального пути Wnt, играющего важную роль в регуляции эмбрионального развития, гомеостаза и регенерации тканей (Assidi M et al., 2022). Кодированный белок – вьющийся рецептор класса 6, функционирует как отрицательный регулятор канонического сигнального каскада Wnt/бета-катенин, отвечающего за координацию межклеточной адгезии (связывания) и транскрипцию генов. Тем самым выступает в роли регулятора развития опухолевых клеток, подавляя процессы онкогенной трансформации, пролиферации клеток и ингибирования апоптоза. Вместе с другим членом семейства – *FZD3*, участвует в формировании нервной трубки и внутреннего уха (Assidi M et al., 2022). Вовлечённость гена в процессы роста и развития клеток, а также эмбриогенез отдельных органов, вероятно, может повлиять на улучшение продуктивных качеств овец.

На хромосоме 17 обнаружена замена rs428370184, которая относится к межгенному варианту. Ближе лежащим геном, расположенным в области 250 тыс. п.н., является *ENSOARG00000012396*, который не охарактеризован в геноме овец. Экспрессируется в прелопаточных лимфатических узлах. Кодированный белок, содержащий Ig-подобный домен (Ig-like domain-containing protein). В ходе биоинформационного анализа было установлено, что рассматриваемый ген имеет 4 ортолога. Среди них *ENSBTAG00000055142* крупного рогатого скота и *ENSFCAG00000025739* кошки, которые также имеют гомолог в геноме человека. Можно предположить, что функции гена *ENSOARG00000012396* похожи на функции гена *IGLV5-52* у человека. Этот ген кодирует белок иммуноглобулин лямбда переменный 5-52 (immunoglobulin lambda variable 5-52), который экспрессируется плазматической мембраной клеток двенадцатиперстной кишки. Предполагается, что *IGLV5-52* принимает участие в иммунном ответе за счёт включения белкового продукта в переменную область (V-область) лёгких цепей иммуноглобулинов. Таким образом, вероятно, участвует в V-(D)-J-рекомбинации незрелых B- и T-клеток – процессе формирования антиген-распознающего участка антител и T-клеточного рецептора (Lefranc MP, 2014). Необходимо изучить роль гена *ENSOARG00000012396* на проявление мясных качеств у овец породы джалгинский меринос.

Выявленная на хромосоме 9 мутация rs423934714 расположена на расстоянии 28 тыс. п.н. от гена *ENSOARG00000013197*. У овец его функция не описана. Однако установлена экспрессия в желудочном лимфатическом узле. Для характеристики гена рассмотрены гомологи *PCMTD2* чело-

века и *PCMTD2* КРС. Функция вырабатываемого белка 2, содержащего домен белка-L-изоаспартата-O-метилтрансферазы (Protein-L-isoaspartate O-methyltransferase domain-containing protein 2), мало изучена. Имеются данные о его роли в активности белка *PCMT* – фермента, поддерживающего общую целостность белков, которые были повреждены из-за возраста. Участвует в метилировании белков, необходимого для передачи информации в сигнальных путях клеток. Экспрессия гена *PCMTD2* также обнаружена в головном мозге, где играет важную роль в миелинизации и дифференцировке нейронов (Warmack RA et al., 2022). Вовлеченность гена в протекание важных биологических процессов заслуживает особого внимания и требует дальнейшего исследования его влияния на продуктивность овец.

На хромосоме 18 выявлена замена rs405614602, которая находится рядом с геном *lincRNA ENSOARG00000026426*. Функции некодирующих РНК до конца не изучены. Однако известно, что длинные *lincRNA* играют роль в протекании важных биологических процессов. Участвуют в плюропотентности за счёт экспрессии в эмбриональных стволовых клетках или активации в индуцированных плюрипотентных стволовых клетках (дифференциальные клетки, которые после перепрограммирования приобретают характеристики эмбриональных стволовых клеток). Благодаря взаимодействию с хроматин-модифицирующими комплексами, которые влияют на транскрипцию генов, *lincRNA* вовлечены в дифференцировку и процессы развития клеток (Deniz E and Erman B, 2017). Большое количество длинных некодирующих РНК обнаружено в центральной нервной системе (ЦНС). Интенсивную транскрипцию нейронными клетками головного мозга связывают с его эволюционной сложностью. Как и белок-кодирующие гены, *lincRNA* могут выступать в роли онкогенов и генов-супрессоров опухолей, которые влияют на опухолевый генез (Deniz E and Erman B, 2017). Считаем, что *lincRNA ENSOARG00000026426* можно рекомендовать как ген-кандидат, влияющий на параметр «толщина жира» у овец.

Также на хромосоме 18 обнаружена мутация rs410349042, относящаяся к межгенному варианту. На расстоянии 416 тыс. п.н. от нее находится ген *GABRB3* (gamma-aminobutyric acid type A receptor subunit beta3). Ген кодирует бета3 – субъединицу рецептора гамма-аминомасляной кислоты типа А. К сожалению, мы не рассматриваем его в качестве гена-кандидата, поскольку он не соответствует критериям отбора по расстоянию от SNP. Однако, учитывая его биологическую важность, в будущем возможно изучение его структуры для оценки влияния на фенотип животных.

Ген *ASIC2* (Acid sensing ion channel subunit 2), в межгенной области которого выявлен одонуклеотидный полиморфизм rs412766129, локализован на хромосоме 11. Его функция у овец не описана. Близкими гомологичными генами являются *ASIC2* человека, мыши домового и макаки-резус. В основном экспрессируется в центральной и периферической нервной системе. Кодированный белок относится к суперсемейству дегенеринового/ эпителиального натриевого канала (DEG/ENaC), управляемого лигандами. Члены этого семейства представляют собой натриевые каналы, чувствительные к амилориду – препарату, применяемому при лечении сердечно-сосудистых заболеваний (гипокалемия, повышенное АД). Белок, кодируемый геном *ASIC2*, является кислотно-чувствительным ионным каналом субъединицы 2, который участвует в транспорте ионов и играет существенную роль в протекании важных физиологических процессов. Благодаря экспрессии в головном мозге, может оказывать влияние на нейроны, вырабатывающие вазопрессин. Это, в свою очередь, играет важную роль в регуляции артериального давления и поддержания сердечно-сосудистого гомеостаза. Также может участвовать в процессе нейротрансмиссии – передачи нервного импульса между нейронами (Fazia T et al., 2019). За счёт связи с другим членом семейства *ASIC3* образует механочувствительный ионный канал, который является датчиком для ряда систем, включая органы осязания, слуха и равновесия, а также участвует в регуляции сердечно-сосудистой системы и осмотического гомеостаза (Fazia T et al., 2019). Описанные функциональные особенности *ASIC2* оказывают существенное влияние на физиологическое состояние организма, поэтому мы имеем основание предположить о роли гена на продуктивные показатели породы джалгинский меринос.

На хромосоме 3 в апстрим-регионе гена *PYMI* (PYM homolog 1, exon junction complex associated factor) обнаружена замена rs416601219. Для описания характеристики гена выбраны наиболее близкие гомологи: ген *PYMI* человека, КРС и мыши домашней. Выраженная экспрессия наблюдается в пищевом тракте и толстой кишке. Белковый продукт представлен гомологом *PYMI*, фактором, связанным с комплексом сращивания экзонов (EJC). Комплекс EJC участвует в контроле качества мРНК, а именно в процессе нонсенс-опосредованного распада (NMD) – расщеплении мРНК, содержащей стоп-кодоны в неправильных местах. Здесь роль PYM1 заключается в разборке EJC на два подкомплекса после диссоциации от мРНК её при успешном слайсинге. Связываясь с рибосомой, обеспечивает активность связывания органеллы с транскриптом и облегчает разделение комплекса соединения экзонов во время процесса трансляции. Также важен при разборке EJC в труднодоступных для рибосом областях мРНК, например, 3'-UTR (Li M et al., 2019). Таким образом, можно заключить, что ген *PYMI* косвенно вовлечён в регулирование экспрессии генов и может оказывать влияние на такие важные процессы, как рост и пролиферация клеток, иммунный ответ, регулирование активности нейронов и поведения. Поэтому мы имеем основание рекомендовать ген в качестве кандидата, связанного с толщиной жира в поясничном отделе.

На хромосоме 1 идентифицировано сразу две замены – rs428129415 в интроне гена *TRPC1*, rs429033215 – в межгенной области гена *UBL4B*. У овец *TRPC1* (transient receptor potential cation channel subfamily C member 1) в основном экспрессируется в гиппокампе. Не аннотирован. Среди ортологов наиболее близкими являются ген *TRPC1* человека, мыши домашней и курицы. Белковый продукт – канонический канал 1 транзитного рецепторного потенциала, – представляет собой ионный канал, расположенный на плазматической мембране клеток и органелл. В основном функционирует как неспецифический катионный канал в путях, контролирующей проникновение  $Ca^{2+}$  при истощении его внутриклеточных запасов (Claycombe-Larson K et al., 2023). Ионы кальция являются важным компонентом в процессах передачи нервных импульсов, сокращения мышц, регуляции сердечного ритма, а также свёртывании крови. Поэтому ген *TRPC1* играет значительно важную роль в регуляции физиологических функций сердечно-сосудистой системы, ЦНС, скелетных и мышечных тканей, а также иммунной системы. Выявленная экспрессия в жировой ткани, мозге и скелетных мышцах делает *TRPC1* потенциально важным регулятором энергетического обмена (Claycombe-Larson K et al., 2023). Вовлечённость гена в биологически важные процессы, включая липидный обмен, делает его потенциальным геном-кандидатом мясной продуктивности овец.

*UBL4B* (ubiquitin like 4B) в геноме овец относится к псевдогенам. Гомологами гена являются *UBL4B* человека и мыши домашней. В организме человека экспрессируется в левом яичке. Белок убиквитин-подобный 4B является компонентом пути деградации белка, связанного с эндоплазматическим ретикуломом (ERAD) (Yu C et al., 2021). ERAD представляет собой клеточный процесс, нацеленный на неправильно свёрнутые белки ЭПС для деградации цитоплазматической убиквитин-протеасомной системой. Убиквитин помечает дефектные белки, присоединяясь к ним, тем самым делая их мишенями для протеасомы – белкового комплекса, который разрушает белки до коротких фрагментов. Кроме того, *UBL4B* совместно с другими генами может функционировать при устранении вредных мутаций в геноме. Например, находясь в относительной близости к *SLC6A17* – члену семейства переносчиков нейромедиаторов, последний может рассматриваться как «housekeeping genes», который необходим для поддержания многих важных биологических процессов, таких как репликация, транскрипция, трансляция, ана- и катаболизм (Yu C et al., 2021). Считаем, что *UBL4B*, ввиду своих функциональных особенностей, можно отнести к генам продуктивности овец породы джалгинский меринос.

В межгенной области гена *SOX6* (SRY-box transcription factor 6) идентифицированы однонуклеотидные замены, показавшие одинаковую достоверность – rs413558008 и rs419543416. В геноме овец локализуется на хромосоме 15, аннотации не имеет. Для описания функциональных особенностей взяты наиболее близкие ортологи – ген *SOX6* человека и мыши домашней. Кодированный белок представляет собой фактор транскрипции SRY-box 6. Наблюдается широкая экспрессия многими клетками ЦНС, сердечно-сосудистой, опорно-двигательного аппарата, печени, почек и В-



клетками поджелудочной железы. Основная функция *SOX6* заключается в регуляции работы генов за счёт прямого связывания с ДНК либо взаимодействия с кофакторами или микроРНК. Это обуславливает его роль во множестве процессов организма. Регулирует развитие скелетных и сердечных мышц, клеток ЦНС – нейронов и олигодендроцитов, эритропоэз, скелетогенез и адипогенез (Saleem M et al., 2020). Совместно с другими членами семейства транскрипционных факторов *Sox* оказывает влияние на стадии хондрогенеза. Вместе с *SOX5* управляет пролиферацией хондробластов, а также активирует экспрессию генов белка внеклеточного матрикса. В совокупности с генами *SOX5* и *SOX9* регулирует клетки от преждевременной гипертрофии. Помимо участия в эмбриональном развитии, выявлена роль *SOX6* в поддержании зрелых тканей организма (Saleem M et al., 2020). Роль *SOX6* как фактора транскрипции может указывать на его участие в контроле липидного обмена, что может сказаться на толщине жира и, следовательно, качестве мяса.

На хромосоме 22 выявлена замена rs398171518. На расстоянии 65 тыс. п.н. от неё находится ген *TCF7L2* (transcription factor 7 like 2), функция которого у овец не описана. Близкими гомологами являются гены *TCF7L2* человека и мыши домашней. Экспрессируется в головном мозге, поджелудочной железе, печени, кишечнике и жировых клетках. Принадлежит к семейству Т-клеточного фактора/лимфоидного энхансерного фактора (TCF/LEF), члены которого способны связываться с определённой последовательностью ДНК и, тем самым, контролировать скорость транскрипции. Кодированный белок представляет собой фактор транскрипции 7-подобный 2/транскрипционный фактор. Является компонентом сигнального пути Wnt, который, помимо вышеупомянутых функций, регулирует пролиферацию  $\beta$ -клеток островков Лангерганса в поджелудочной железе и влияет на секрецию инсулина (Jan A et al., 2021). Связываясь с  $\beta$ -катенином, *TCF7L2* активируется и воздействует на активность генов, которые участвуют в регуляции синтеза проглюкагона. Тем самым контролирует повышение концентрации глюкозы и жирных кислот в крови. Экспрессируясь в  $\beta$ -клетках поджелудочной железы, белок *TCF7L2* влияет на инкретиновую систему, увеличивая секрецию инсулина. Также участвует в генерации новых  $\beta$ -стволовых клеток из протоковых клеток-предшественников (Jan A et al., 2021). Участие гена в регуляции уровня глюкозы в крови может отразиться на количестве жировой ткани организма, поэтому мы можем отнести его в генам-кандидатам мясной продуктивности овец.

В интроне гена *SHLD1* (shieldin complex subunit 1), локализованного на хромосоме 13, выявлена замена rs424527032. Описание функции у овец не имеет. Среди гомологов близким является *SHLD1* человек, КРС и макаки-резус. Белковый продукт представлен субъединицей 1 защитного комплекса. В основном экспрессируется в лимфатических узлах и надпочечниках. Является компонентом белкового комплекса Shieldin (SHLD), члены которого эпистатичны друг к другу. SHLD участвует в процессе репарации ДНК благодаря совместной работе с хроматин-связывающим белком 53BP1 путём негомологического соединения концов (NHEJ). При помощи NHEJ осуществляется механизм переключения классов иммуноглобулинов (CRS) в активных В-клетках, что приводит к изменению выработки антител с одного типа на другой. Помимо этого, SHLD вместе с 53BP1 участвует в соединении дисфункциональных теломер, тем самым инициируя клеточное старение и апоптоз (Setiapatra D and Durocher D, 2019). Считаем, что *SHLD1* может оказывать влияние на процессы энергетического обмена, поэтому рекомендуем его как ген-кандидат продуктивности у овец.

На хромосоме 7 в интронной области гена *UNC13C* (unc-13 homolog C) обнаружена мутация rs418470569. Не аннотирован. В результате проведённого биоинформационного анализа для описания функций гена были выбраны наиболее близкие гомологи – *UNC13C* человека, мыши домашней и крысы. Также известен как *Munc13-3*. Высокая экспрессия наблюдается в головном мозге, в частности в мозжечке. Кодированный белок – unc-13 гомолог C, относится к семейству Unc/Munc, члены которого играют роль в глутаматергических и ГАМКергических синаптических путях (Dong W et al., 2021). *UNC13C* инициирует сближение синаптических пузырьков с плазматической мембраной нейрона и экзоцитозное высвобождение возбуждающего (глутамат) и тормозного (гамма-аминомасляная кислота, ГАМК) нейромедиаторов в синаптическую щель (Dong W et al., 2021). Также, вероятно, участвует в контроле нейронной пластичности зрительной коры в критический

период развития. Вовлечённость гена в нейрофизиологические процессы позволяет предположить его роль в липидном обмене. Поэтому *UNC13C* можно отнести к генам-кандидатам, влияющим на признаки продуктивности.

#### Заключение.

В результате проведённого полногеномного поиска ассоциаций для параметра «толщина жира» у овец породы джалгинский меринос выявлено 18 однонуклеотидных замен с показателями достоверности выше –  $\log_{10}(p)=5$ . Полиморфизм rs410349042, расположенный на расстоянии 416 тыс. п.н. до гена *GABRB3*, не использован для дальнейшего изучения, поскольку не подходит критериям отбора. Анализ локализации остальных однонуклеотидных полиморфизмов позволил выявить 14 генов-кандидатов, ассоциированных с параметром «толщина жира»: *MREG*, *KRT20*, *FZD6*, *ENSOARG00000012396*, *ENSOARG00000013197*, *ENSOARG00000026426*, *ASIC2*, *PYMI*, *TRPC1*, *UBL4B*, *SOX6*, *TCF7L2*, *SHLD1*, *UNC13C*. В ходе биоинформационного анализа установлено, что их белковые продукты участвуют в контроле важных биологических процессов. Поэтому предложенные гены могут быть рассмотрены в качестве генов-кандидатов продуктивности у овец породы джалгинский меринос. Полученные данные могут быть использованы для проведения дальнейших исследований, направленных на изучение влияния этих генов на фенотипическое проявление продуктивных признаков у пород овец отечественной селекции. Обнаруженные SNP могут также быть использованы в качестве маркеров при генотипировании секвенированием овец с использованием технологии NGS.

#### Список источников

1. Полногеномный поиск QLT-ассоциированных SNP для прогнозирования наследственного потенциала продуктивности у казахского белоголового скота / Е.В. Белая, И.С. Бейшова, М.И. Селионова, Р.С. Шулинский, Т.В. Ульянова // Вестник АПК Ставрополя. 2022. № 3(47). С. 18-25. [Belaya EV, Beishova IS, Selionova MI, Shulinski RS, Ulyanova TV. Genome-wide search for QLT-associated SNPs to predict the hereditary potential of productivity in Kazakh White-Headed Cattle. Agricultural Bulletin of Stavropol Region. 2022;3(47):18-25. (In Russ.)]. doi: 10.31279/2222-9345-2022-11-47-18-25
2. Бобрышова Г.Т., Голембовский В.В., Пашкова Л.А. Будущее овцеводства – в развитии интенсивных технологий // Овцы, козы, шерстяное дело. 2021. № 3. С. 14-19. [Bobryshova GT, Golembovsky VV, Pashkova LA. The future of sheep breeding in the development of intensive technologies. Sheep, Goats, Wool Business. 2021;3:14-19. (In Russ.)]. doi: 10.26897/2074-0840-2021-3-14-19
3. Современные подходы генетической идентификации породной принадлежности сельскохозяйственных животных (обзор) / А.Ю. Криворучко, А.В. Скокова, О.А. Яцык, А.А. Каниболоцкая // Аграрная наука Евро-Северо-Востока. 2021а Т. 22. № 3. С. 317-328. [Krivoruchko AYu, Skokova AV, Yatsyk OA, Kanibolotskaya AA. Modern approaches to the genetic identification of farm animal breeds (review). Agricultural Science Euro-North-East. 2021a;22(3):317-328. (In Russ.)]. doi: 10.30766/2072-9081.2021.22.3.317-328
4. Криворучко А.Ю., Яцык О.А., Каниболоцкая А.А. Новые параметры прижизненной оценки мясной продуктивности овец породы джалгинский меринос // Аграрный вестник Урала. 2021б. № 04(207). С. 74-84. [Krivoruchko AYu, Yatsyk OA, Kanibolotskaya AA. New parameters of lifetime assessment of meat productivity of Dzhalginskiy merino sheep. Agrarian Bulletin of the Urals. 2021b;04(207):74-84. (In Russ.)]. doi: 10.32417/1997-4868-2021-207-04-74-84
5. Мясная продуктивность баранчиков породы джалгинский меринос с различной тониной шерсти / И.Г. Сердюков, В.В. Абонеев, М.Б. Павлов, А.М. Павлов, В.В. Марченко // Овцы, козы, шерстяное дело. 2017. № 1. С. 34-36. [Serdyukov IG, Aboneev VV, Pavlov MB, Pavlov AM, Marchenko VV. Myasnaya produktivnost' baranchikov porody dzhalginskii merinos s razlichnoi toninoi shersti. Ovtzy, kozy, sherstyanoie delo. 2017;1:34-36. (In Russ.)].

6. Assidi M, Buhmeida A, Al-Zahrani MH et al. The prognostic value of the developmental gene FZD6 in young saudi breast cancer patients: a biomarkers discovery and cancer inducers oncoscreen approach. *Frontiers in Molecular Biosciences*. 2022;9:783735. doi: 10.3389/fmolb.2022.783735
7. Claycombe-Larson K, Singh B, Bundy AN, Brunelle D, Bukowski MR, Roemmich JN. Effects of maternal HF diet and absence of TRPC1 gene on mouse placental growth and fetal intrauterine growth retardation (IUGR). *The Journal of Nutritional Biochemistry*. 2023;114:109162. doi: 10.1016/j.jnutbio.2022.109162
8. Deniz E, Erman B. Long noncoding RNA (lincRNA), a new paradigm in gene expression control. *Functional & Integrative Genomics*. 2017;17(2-3):135-143. doi: 10.1007/s10142-016-0524-x
9. Dong W, Zhao L, Zhang S, Zhang S, Si H. Circ-KIAA0907 inhibits the progression of oral squamous cell carcinoma by regulating the miR-96-5p/UNC13C axis. *World Journal of Surgical Oncology*. 2021;19(1):75. doi: 10.1186/s12957-021-02184-8
10. Fazia T, Pastorino R, Notartomaso S et al. Acid sensing ion channel 2: A new potential player in the pathophysiology of multiple sclerosis. *European Journal of Neuroscience*. 2019;49(10):1233-1243. doi: 10.1111/ejn.14302
11. Frost LS, Lopes VS, Bragin A et al. The contribution of melanoregulin to microtubule-associated protein 1 light chain 3 (LC3) associated phagocytosis in retinal pigment epithelium. *Molecular Neurobiology*. 2015;52(3):1135-1151. doi: 10.1007/s12035-014-8920-5
12. Jan A, Jan H, Ullah Z. Фактор транскрипции 7 (TCF7L2): фактор риска развития сахарного диабета 2 типа. *Сахарный диабет*. 2021;24(4):371-376. [Jan A, Jan H, Ullah Z. Transcription factor 7-like 2 (TCF7L2): a culprit gene in Type 2 Diabetes Mellitus. 2021;24(4):371-376. doi: 10.14341/DM12313
13. Jiang J, Cao Y, Shan H, Wu J, Song X, Jiang Y. The GWAS analysis of body size and population verification of related SNPs in Hu Sheep. *Frontiers in Genetics*. 2021;12:642552. doi: 10.3389/fgene.2021.642552
14. Lefranc MP. Immunoglobulin and T Cell Receptor Genes: IMGT® and the birth and rise of immunoinformatics. *Frontiers in Immunology*. 2014;5:22. doi: 10.3389/fimmu.2014.00022
15. Li M, Johnson JR, Truong B et al. Identification of antiviral roles for the exon-junction complex and nonsense-mediated decay in flaviviral infection. *Nature Microbiology*. 2019;4(6):985-995. doi: 10.1038/s41564-019-0375-z
16. Ouyang S, Kang W. Research advances in the role of keratins in gastrointestinal cancer. *Chinese Medical Sciences Journal*. 2022;37(1):73-78. doi: 10.24920/003990
17. Saleem M, Barturen-Larrea P, Gomez JA. Emerging roles of Sox6 in the renal and cardiovascular system. *Physiological Reports*. 2020;8(22):e14604. doi: 10.14814/phy2.14604
18. Setiaputra D, Durocher D. Shieldin - the protector of DNA ends. *EMBO Reports*. 2019;20(5):e47560. doi: 10.15252/embr.201847560
19. Warmack RA, Pang EZ, Peluso E et al. Human protein-l-isoaspartate O-methyltransferase domain-containing protein 1 (PCMTD1) associates with cullin-RING ligase proteins. *Biochemistry*. 2022;61(10):879-894. doi: 10.1021/acs.biochem.2c00130
20. Yu C, Diao R, Khan R et al. The dispensable roles of X-linked *Ubl4a* and its autosomal counterpart *Ubl4b* in spermatogenesis represent a new evolutionary type of X-derived retrogenes. *Frontiers in Genetics*. 2021;12:689902. doi: 10.3389/fgene.2021.689902

## References

1. Belaya AV, Beishova IS, Selionova MI, Shulinski RS, Ulyanova TV. Genome-wide search for QLT-associated SNPs to predict the hereditary potential of productivity in Kazakh White-Headed cattle. *Agricultural Bulletin of Stavropol Region*. 2022;3(47):18-25. doi: 10.31279/2222-9345-2022-11-47-18-25

2. Bobryshova GT, Golembovsky VV, Pashkova LA. The future of sheep breeding in the development of intensive technologies. *Sheep, Goats, Wool Business*. 2021;3:14-19. doi: 10.26897/2074-0840-2021-3-14-19
3. Krivoruchko AYu, Skokova AV, Yatsyk OA, Kanibolotskaya AA. Modern approaches to the genetic identification of farm animal breeds (review). *Agricultural Science Euro-North-East*. 2021a;22(3):317-328. doi: 10.30766/2072-9081.2021.22.3.317-328
4. Krivoruchko AYu, Yatsyk OA, Kanibolotskaya AA. New parameters of lifetime assessment of meat productivity of Dzhalginskiy merino sheep. *Agrarian Bulletin of the Urals*. 2021b;04(207):74-84. doi: 10.32417/1997-4868-2021-207-04-74-84
5. Serdyukov IG, Aboneev VV, Pavlov MB, Pavlov AM, Marchenko VV. Meat productivity of rams of the Jalgin Merino breed with a different fineness of wool. *Sheep, Goats, Wool Business*. 2017;1:34-36.
6. Assidi M, Buhmeida A, Al-Zahrani MH et al. The prognostic value of the developmental gene FZD6 in young saudi breast cancer patients: a biomarkers discovery and cancer inducers oncoscreen approach. *Frontiers in Molecular Biosciences*. 2022;9:783735. doi: 10.3389/fmolb.2022.783735
7. Claycombe-Larson K, Singh B, Bundy AN, Brunelle D, Bukowski MR, Roemmich JN. Effects of maternal HF diet and absence of TRPC1 gene on mouse placental growth and fetal intrauterine growth retardation (IUGR). *The Journal of Nutritional Biochemistry*. 2023;114:109162. doi: 10.1016/j.jnutbio.2022.109162
8. Deniz E, Erman B. Long noncoding RNA (lincRNA), a new paradigm in gene expression control. *Functional & Integrative Genomics*. 2017;17(2-3):135-143. doi: 10.1007/s10142-016-0524-x
9. Dong W, Zhao L, Zhang S, Zhang S, Si H. Circ-KIAA0907 inhibits the progression of oral squamous cell carcinoma by regulating the miR-96-5p/UNC13C axis. *World Journal of Surgical Oncology*. 2021;19(1):75. doi: 10.1186/s12957-021-02184-8
10. Fazia T, Pastorino R, Notartomaso S et al. Acid sensing ion channel 2: A new potential player in the pathophysiology of multiple sclerosis. *European Journal of Neuroscience*. 2019;49(10):1233-1243. doi: 10.1111/ejn.14302
11. Frost LS, Lopes VS, Bragin A et al. The contribution of melanoregulin to microtubule-associated protein 1 light chain 3 (LC3) associated phagocytosis in retinal pigment epithelium. *Molecular Neurobiology*. 2015;52(3):1135-1151. doi: 10.1007/s12035-014-8920-5
12. Jan A, Jan H, Ullah Z. Transcription factor 7-like 2 (TCF7L2): a culprit gene in Type 2 Diabetes Mellitus. 2021;24(4):371-376. doi: 10.14341/DM12313
13. Jiang J, Cao Y, Shan H, Wu J, Song X, Jiang Y. The GWAS analysis of body size and population verification of related SNPs in Hu Sheep. *Frontiers in Genetics*. 2021;12:642552. doi: 10.3389/fgene.2021.642552
14. Lefranc MP. Immunoglobulin and T Cell Receptor Genes: IMGT® and the birth and rise of immunoinformatics. *Frontiers in Immunology*. 2014;5:22. doi: 10.3389/fimmu.2014.00022
15. Li M, Johnson JR, Truong B et al. Identification of antiviral roles for the exon-junction complex and nonsense-mediated decay in flaviviral infection. *Nature Microbiology*. 2019;4(6):985-995. doi: 10.1038/s41564-019-0375-z
16. Ouyang S, Kang W. Research advances in the role of keratins in gastrointestinal cancer. *Chinese Medical Sciences Journal*. 2022;37(1):73-78. doi: 10.24920/003990
17. Saleem M, Barturen-Larrea P, Gomez JA. Emerging roles of Sox6 in the renal and cardiovascular system. *Physiological Reports*. 2020;8(22):e14604. doi: 10.14814/phy2.14604
18. Setiaputra D, Durocher D. Shieldin - the protector of DNA ends. *EMBO Reports*. 2019;20(5):e47560. doi: 10.15252/embr.201847560
19. Warmack RA, Pang EZ, Peluso E et al. Human protein-l-isoaspartate O-methyltransferase domain-containing protein 1 (PCMTD1) associates with cullin-RING ligase proteins. *Biochemistry*. 2022;61(10):879-894. doi: 10.1021/acs.biochem.2c00130

20. Yu C, Diao R, Khan R et al. The dispensable roles of X-linked *Ubl4a* and its autosomal counterpart *Ubl4b* in spermatogenesis represent a new evolutionary type of X-derived retrogenes. *Frontiers in Genetics*. 2021;12:689902. doi: 10.3389/fgene.2021.689902

**Информация об авторах:**

**Татьяна Юрьевна Саприкина**, очный аспирант, младший научный сотрудник лаборатории геномной селекции и репродуктивной криобиологии в животноводстве, Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр, 356241, Россия, Ставропольский край, Михайловск, ул. Никонова, 49, тел.: +7 (8655) 32-32-98; научный сотрудник научно-исследовательской лаборатории молекулярно-генетической экспертизы, Северо-Кавказский федеральный университет, 355029, Россия, Ставрополь, просп. Кулакова, 2, корп. 23, тел.: 8 (8652) 95-68-13.

**Александр Юрьевич Криворучко**, доктор биологических наук, главный научный сотрудник лаборатории геномной селекции и репродуктивной криобиологии в животноводстве, Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр, 356241, Россия, Ставропольский край, Михайловск, ул. Никонова, 49, тел.: +7 (8655) 32-32-98; научный сотрудник научно-исследовательской лаборатории молекулярно-генетической экспертизы, Северо-Кавказский федеральный университет, 355029, Россия, Ставрополь, просп. Кулакова, 2, корп. 23, тел.: 8 (8652) 95-68-13.

**Олеся Андреевна Яцык**, кандидат биологических наук, старший научный сотрудник лаборатории геномной селекции и репродуктивной криобиологии в животноводстве, Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр, 356241, Россия, Ставропольский край, Михайловск, ул. Никонова, 49, тел.: +7 (8655) 32-32-98; научный сотрудник научно-исследовательской лаборатории молекулярно-генетической экспертизы, Северо-Кавказский федеральный университет, 355029, Россия, Ставрополь, просп. Кулакова, 2, корп. 23, тел.: 8 (8652) 95-68-13.

**Ольга Николаевна Криворучко**, соискатель, Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр, 356241, Россия, Ставропольский край, Михайловск, ул. Никонова, 49, тел.: +7 (8655) 32-32-98.

**Information about the authors:**

**Tatyana Yu Saprikina**, full-time postgraduate student, Junior Researcher at the Laboratory of Genomic Breeding and Reproductive Cryobiology in Animal Husbandry, North Caucasus Federal Agrarian Research Centre, 49 Nikonov st., Mikhailovsk, Stavropol Territory, 356241, Russia, tel.: +7 (8655) 32-32-98; research at the Research Laboratory of Molecular genetic expertise, North Caucasus Federal University, 23 bldg., 2, Kulakov avenue, Stavropol, Russia, 355029, tel.: 8 (8652) 95-68-13.

**Alexander Yu Krivoruchko**, Dr. Sci. (Biology), Chief Researcher of the Laboratory of Genomic Breeding and Reproductive Cryobiology in Animal Husbandry, North Caucasus Federal Agrarian Research Centre, 49 Nikonov st., Mikhailovsk, Stavropol Territory, 356241, Russia, tel.: +7 (8655) 32-32-98; Research Associate at the Research Laboratory of Molecular Genetic Expertise, North Caucasus Federal University, 23 bldg., 2, Kulakov avenue, Stavropol, Russia, 355029, tel.: 8 (8652) 95-68-13.

**Olesya A Yatsyk**, Cand. Sci. (Biology), Senior Researcher at the Laboratory of Genomic Breeding and Reproductive Cryobiology in Animal Husbandry, North Caucasus Federal Agrarian Research Centre, 49 Nikonov st., Mikhailovsk, Stavropol Territory, 356241, Russia, tel.: +7 (8655) 32-32-98; research at the Research Laboratory of Molecular Genetic Expertise, North Caucasus Federal University, 23 bldg., 2, Kulakov avenue, Stavropol, Russia, 355029, tel.: 8 (8652) 95-68-13.

**Olga N Krivoruchko**, Applicant, North Caucasus Federal Agrarian Research Centre, 49 Nikonov st., Mikhailovsk, Stavropol Territory, Russia, 356241, tel.: +7 (8655) 32-32-98.

Статья поступила в редакцию 24.03.2023; одобрена после рецензирования 05.04.2023; принята к публикации 13.06.2023.

The article was submitted 24.03.2023; approved after reviewing 05.04.2023; accepted for publication 13.06.2023.