



## Поиск полиморфизмов гена *FRY*, связанных с параметрами живой массы у баранов породы маньчский меринос

© 2026. А. Ю. Криворучко<sup>1, 2</sup>, Л. Н. Скорых<sup>1, 2</sup>, О. Н. Криворучко<sup>1</sup>,  
А. А. Каниболоцкая<sup>1</sup>✉, О. А. Яцык<sup>1</sup>, Л. В. Кононова<sup>1</sup>, Е. Ю. Сафарян<sup>1, 2</sup>

<sup>1</sup>ФГБНУ «Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр»,  
г. Михайловск, Ставропольский край, Российская Федерация,

<sup>2</sup>ФГАОУ ВО «Северо-Кавказский федеральный университет», г. Ставрополь,  
Российская Федерация

*Применение современных методов генетического тестирования позволяет дополнить традиционную селекцию новыми способами прогнозирования хозяйственно полезных качеств у животных. Для улучшения параметров мясной продуктивности у овец российской селекции используется выявление маркеров в генах, связанных с развитием мышечной ткани. Одним из перспективных генов-кандидатов, выявленных в различных исследованиях методом полногеномного поиска ассоциаций, является *FRY*, продукт которого принимает участие в формировании цитоскелета. В работе выполнено полногеномное секвенирование ДНК баранов породы маньчский меринос, по результатам которого изучена структура гена *FRY*. В составе гена обнаружено несколько тысяч различных полиморфизмов, преимущественно – однонуклеотидных замен. Проведенное исследование связи отдельных полиморфизмов с параметрами живой массы у маньчских мериносов позволило описать 46 локусов, показавших наибольшие различия между носителями разных аллелей по изучаемому параметру. На основании анализа результатов выделены три полиморфизма в позициях 29188932, 29071055 и 29219339 на 10-й хромосоме. Достоверная разница в средней живой массе между носителями аллельных вариантов по этим заменам имела наибольшую величину. Носители мутантного аллеля по полиморфизму 29188932 имели средний живой вес больше на 26 %, гомозиготы по замене в позиции 29071055 были больше остальных животных на 8,54 кг (18 %). Бараны с мутантным гомозиготным генотипом в позиции 29219339 превосходили остальных на 12,07 кг, что составляет 25 %. Все три полиморфизма – 29188932, 29071055 и 29219339 являются однонуклеотидными заменами. Замены в точках 29071055 и 29219339 ранее описаны у овец и имеют номенклатурные номера *rs413720596* и *rs424225505* соответственно. Полиморфизм в позиции 29188932 обнаружен впервые и не внесен в международные базы данных. Таким образом, в гене *FRY* имеются полиморфизмы, достоверно связанные с живой массой у овец, что позволяет использовать их в качестве молекулярных маркеров.*

**Ключевые слова:** овцы, *Ovis aries*, генотипирование, однонуклеотидный полиморфизм, мясная продуктивность, генотип

**Благодарности:** работа выполнена при поддержке РФФ, № 25-16-20051 от 17.04.2025, <https://rscf.ru/project/25-16-20051/>

Авторы благодарят рецензентов за их вклад в экспертную оценку этой работы.

**Конфликт интересов:** авторы заявили об отсутствии конфликта интересов.

**Соблюдение этических стандартов:** эксперименты с животными проводили в соответствии с Руководством Национального института здравоохранения по уходу и использованию лабораторных животных (<http://oacu.od.nih.gov/regs/index.htm>). Протоколы исследований с использованием овец были одобрены методической комиссией Всероссийского научно-исследовательского института овцеводства и козоводства (ВНИИОК) – филиала ФГБНУ «Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр» (протокол № 2 от 29.03.2023). Все процедуры, связанные с генотипированием и отбором биоматериала, проводили с соблюдением принципов гуманного обращения с животными и минимизации стрессовых воздействий.

**Для цитирования:** Криворучко А. Ю., Скорых Л. Н., Криворучко О. Н., Каниболоцкая А. А., Яцык О. А., Кононова Л. В., Сафарян Е. Ю. Поиск полиморфизмов гена *FRY*, связанных с параметрами живой массы у баранов породы маньчский меринос. *Аграрная наука Евро-Северо-Востока*. 2026;27(2):435–447.

DOI: <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2026.27.2.435-447>

Поступила в редакцию: 28.05.2025

Доработана после рецензирования: 28.10.2025

Принята к публикации: 08.04.2026

Опубликована онлайн: 27.04.2026

## Search for polymorphisms of the *FRY* gene associated with live weight parameters in Manych Merino rams

© 2026. Alexander Yu. Krivoruchko<sup>1, 2</sup>, Larisa N. Skorykh<sup>1, 2</sup>, Olga N. Krivoruchko<sup>1</sup>, Anastasia A. Kanibolotskaya<sup>1</sup>✉, Olesya A. Yatsyk<sup>1</sup>, Lidia V. Kononova<sup>1</sup>, Elena Yu. Safaryan<sup>1, 2</sup>

<sup>1</sup>North Caucasus Federal Agricultural Research Centre, Mikhailovsk, Stavropol region, Russian Federation,

<sup>2</sup>North-Caucasus Federal University, Stavropol, Russian Federation

*Application of modern methods of genetic testing allows to supplement traditional breeding with new ways of predicting economically useful qualities in animals. To improve the parameters of meat productivity in sheep of Russian breeding, the identification of markers in genes associated with the development of muscle tissue is used. One of the promising candidate genes identified in various studies by full genome association search is *FRY*, the product of which participates in the formation of the cytoskeleton. There has been carried out a full genome sequencing of DNA of Manych merino sheep, based on the results of which the structure of the *FRY* gene was studied. Several thousand different polymorphisms, mainly single nucleotide substitutions, were detected in the gene structure. The study of the relationship of individual polymorphisms with the parameters of live weight in Manych merinos allowed to describe 46 loci that showed the greatest differences between carriers of different alleles for the studied parameter. Based on the analysis of the results, there were identified three polymorphisms in positions 29188932, 29071055 and 29219339 on chromosome 10, the difference between the carriers of allelic variants of which had the greatest value. Carriers of the mutant allele for the 29188932 polymorphism had an average live weight higher by 26 %, homozygotes for the substitution in the 29071055 position were 8.54 kg (18 %) higher than the other animals. The rams with mutant homozygous genotype at position 29219339 were superior to the rest by 12.07 kg, which is 25 %. All three polymorphisms – 29188932, 29071055 and 29219339 are the single nucleotide substitutions. The substitutions at 29071055 and 29219339 have been previously described in sheep and have nomenclature numbers rs413720596 and rs424225505, respectively. The polymorphism at position 29188932 was detected for the first time and was not listed in international databases. Thus, there are polymorphisms in the *FRY* gene that are reliably associated with live weight in sheep, which makes it possible to use them as molecular markers.*

**Keywords:** sheep, *Ovis aries*, genotyping, single nucleotide polymorphism, meat productivity, genotype

**Acknowledgments:** the work was supported by the Russian Science Foundation, No. 25-16-20051 dated 17.04.2025, <https://rscf.ru/project/25-16-20051/>

The authors thanks the reviewers for their contributions to the peer review of this work.

**Conflict of interest:** The authors declare that there is no conflict of interest.

**Compliance with ethical standards:** Animal experiments were conducted in accordance with the Guide of the National Institute of Health for the Care and Use of Laboratory Animals (<http://oacu.od.nih.gov/regs/index.htm>). The protocols of studies involving sheep were approved by the Methodological Committee of the All-Russian Research Institute of Sheep and Goat Breeding (VNIIOK), a branch of the North Caucasus Federal Agricultural Research Centre (Protocol No. 2 of March 29, 2023). All procedures related to genotyping and biomaterial collection were conducted in compliance with the principles of humane animal handling and stress minimization.

**For citation:** Krivoruchko A. Yu., Skorykh L. N., Krivoruchko O. N., Kanibolotskaya A. A., Yatsyk O. A., Kononova L. V., Safaryan E. Yu. Search for polymorphisms of the *FRY* gene associated with live weight parameters in Manych Merino rams. *Agrarnaya nauka Evro-Severo-Vostoka* = Agricultural Science Euro-North-East. 2026;27(2):435–447. (In Russ.).

DOI: <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2026.27.2.435-447>

Received: 28.05.2025

Revised: 28.10.2025

Accepted for publication: 08.04.2026

Published online: 27.04.2026

Несмотря на большие успехи, достигнутые селекционерами в создании новых пород скота, животноводство постоянно сталкивается с растущими потребностями рынка в качественной баранине и говядине. Решить эту проблему с использованием только методов традиционной селекции уже не представляется возможным. Необходимо более широкое применение методов геномной и маркер-ассоциированной селекции. Как показала практика использования этих технологий, можно за короткий срок добиться существенного повышения продуктивности, используя в разведении носителей положительных генотипов. Это стало возмож-

ным благодаря полученной информации о влиянии различных генов на экстерьер и хозяйственно ценные признаки у животных [1].

Среди генов, связь которых с развитием мышечной ткани уже доказана, можно выделить ген гормона роста [2], миостатина [3], мутацию Каллипиги [4] и *MyOD1* [5]. Селекция по ним дает хороший результат, но у некоторых пород за счет проведенного отбора или особенностей геномов встречаются только положительные гомозиготные генотипы, что не позволяет использовать их для дальнейшего улучшения качеств животных [6]. Таким образом, требуется поиск новых генов, влияние которых на мясную

продуктивность можно будет применять в селекционной работе с российскими породами овец.

Использование полногеномного поиска ассоциаций для выявления новых генов-кандидатов позволило обнаружить ряд локусов генома у овец, достоверно связанных с прижизненными параметрами мясной продуктивности. Один из них – ген *FRY*, рядом с которым находились четыре однонуклеотидных полиморфизма rs408317317, rs427646265, rs420098635 и rs398157763, показавшие достоверную ассоциацию с живой массой [7]. Этот ген кодирует крупный протеин массой 330 кДа, связанный с микротрубочками цитоскелета. Он является одним из консервативных белков, участвующим в клеточных процессах большинства животных организмов, в том числе одноклеточных. Белок *FRY* выполняет также важнейшие функции в процессе деления клеток в составе протеинов, организующих веретено деления и процесс расхождения хромосом в митозе [8].

Связь гена *FRY* с хозяйственно ценными признаками обнаружена у овец еще в нескольких исследованиях, проведенных по всему миру. В работах на эфиопских породах овец по изучению связи локусов генома с локализацией подкожного жира и особенностями адаптации к климату ген *FRY* вошел в число предполагаемых генов-кандидатов [9]. Изучение породных особенностей овец суффолк и рамбулье на полногеномном уровне выявило связь с ними двух однонуклеотидных полиморфизмов на хромосоме 10 в локусе гена *FRY*. Учеными было высказано мнение о связи этого гена с размерами тела и шерстной продуктивностью, различными у изучаемых пород [10]. В достаточно крупном исследовании по поиску геномных ассоциаций с целым рядом продуктивных признаков у овец и факторов, на них влияющих (например, особенностями пищевого поведения и физиологической активности), предложено несколько генов-кандидатов, среди которых фигурировал и ген *FRY* [11].

Проведенное в Иране большое исследование для полногеномного поиска ассоциаций со способностями овец к адаптации и проявлению продуктивных качеств в разных климатических условиях обнаружило несколько перспективных генов-кандидатов. Один из выявленных авторами локусов количественных признаков мясной продуктивности, такими как масса туши и мышц, выход баранины, процент жира и другими, находился на хромосоме 10 между генами *RXFP2* и *FRY* [12]. Поиск подписей селекции, то есть локусов, ассоциированных с особенностями пород катадин,

рамбулье и дорпер, выявил несколько генов-кандидатов, возможно, влияющих на параметры, различающие между собой изучаемые породы. Ген-кандидат *FRY* оказался в одном из локусов генома, отличным по строению у овец рамбулье, что указывает на необходимость дальнейшего изучения его структуры и влияния на продуктивные качества [13].

Выявление подписей селекции, использованное для обнаружения локусов генома, ассоциированных с обменом микроэлементов у овец, также определило в качестве перспективных генов-кандидатов *FRY* и *RXFP2* [14]. В работах на мышцах с нокаутом гена показано, что от экспрессии гена *FRY* зависела масса тела животных, причем эффект более заметен у самцов [15].

Таким образом, достаточно много исследований указывают на большое значение гена *FRY* в обеспечении нормальных процессов роста и развития животных, что диктует необходимость более пристального изучения его структуры у овец для определения перспектив использования в селекционной работе.

**Цель исследования** – изучить связи аллельных вариантов однонуклеотидных полиморфизмов (*Single Nucleotide Polymorphism, SNP*) гена *FRY* с параметрами живой массы у баранов породы маньчский меринос с использованием данных полногеномного секвенирования нового поколения.

**Научная новизна** – впервые для овец породы маньчский меринос методом полногеномного секвенирования проведено комплексное исследование структуры гена *FRY* и выявлены ассоциированные с живой массой полиморфизмы. Обнаружено и охарактеризовано 14 ранее не описанных полиморфизмов в гене *FRY* и не внесённых в международные базы данных. Идентифицированы три ключевых однонуклеотидных полиморфизма (в позициях 29188932, 29071055 и 29219339), показавших наибольшее влияние на живую массу животных. Полиморфизм 29188932 выявлен впервые и ассоциирован с увеличением живой массы на 26 % у носителей мутантного аллеля. Установлено, что большинство значимых полиморфизмов локализованы в интронных регионах гена, что указывает на их потенциальное влияние на регуляцию сплайсинга, а не на первичную структуру белка. Впервые для российской селекционной практики предложен набор конкретных молекулярных маркеров в гене *FRY* для маркер-ассоциированной селекции овец маньчский меринос с целью повышения мясной продуктивности.

**Материал и методы.** Работы по изучению генетического материала выполнены во Всероссийском научно-исследовательском институте овцеводства и козоводства – филиал ФГБНУ «Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр» и Геномном центре Северо-Кавказского федерального университета.

Для исследования выбраны 30 баранов породы маньчский меринос в возрасте девяти месяцев из СПК им. Ленина Апанасенковского района Ставропольского края. Особи для изучения отобраны путем случайной выборки, все животные прошли необходимые ветеринарные обработки и получали смешанный рацион.

Пробы крови для извлечения ДНК отбирали путем пункции яремной вены с соблюдением правил асептики. Образцы крови собирали в пробирки Vacutainer® со стабилизатором ЭДТА (Becton Dickinson International, США). Для выделения ДНК использовали 0,1 мл крови согласно инструкции к набору для экстракции нуклеиновых кислот «МагноПрайм ВЕТ» (НекстБио, Россия). Количество ДНК в растворе оценивали с использованием флуориметра «Qubit 4.0» (Invitrogen/Life Technologies, США). Качество выделенной ДНК определяли по соотношению OD (Optical Density) 260/280 нм на спектрофотометре NanoDrop OneC (ThermoFisher Scientific, Inc., США).

Секвенирование образцов геномной ДНК выполняли на высокопроизводительной платформе NovaSeq 6000 (Illumina, Inc., США). Средний размер прочтений составил 153 нуклеотида при средней глубине покрытия 54. Первичные данные обработаны для удаления маркерных последовательностей, сборку генома проводили с использованием референса вида *Ovis aries* – сборка ARS-UI\_Ramb\_v2.0 из базы NCBI (National Center for Biotechnology Information). В результате получен список полиморфизмов, отличающих геномы образцов от референсной сборки. Обнаруженные однонуклеотидные полиморфизмы описаны в соответствии с номенклатурой HGVS (Human Genome Variation Society). Из общего файла с результатами секвенирования извлекали данные о наличии полиморфизмов в области гена *FRY* на 10 хромосоме и фланкирующие его участки размером по 500 пар нуклеотидов. Сортировку и анализ выбранных данных, а также статистическую обработку с использованием t-критерия Стьюдента проводили в Excel для Windows (Microsoft, США). Достоверными считали различия при  $p < 0,05$ .

**Результаты и их обсуждение.** Проведенное по результатам полногеномного секвенирования изучение структуры гена *FRY* у овец породы маньчский меринос показало наличие достаточно большого количества встречающихся полиморфизмов различного вида. Выявлены однонуклеотидные замены, делеции и инсерции, в том числе отличающиеся по длине в одной и той же позиции в хромосоме. Всего обнаружено более 4800 структурных особенностей с различной частотой встречающихся в изученных образцах ДНК. Из числа полиморфизмов, используемых для дальнейших исследований, исключены имеющие частоту встречаемости менее чем у 4 особей (13 %) в изучаемой выборке из 30 животных. Далее проводили анализ различий по массе тела между группами референсных гомозигот и совокупной группой из гетерозигот и мутантных гомозигот, исходя из гипотезы, что мутантный аллель может присутствовать в доминантном варианте гена. В результате достоверные различия при  $p < 0,05$  показали 214 локусов.

Из числа полиморфизмов, показавших достоверные различия по массе тела среди представителей разных генотипов, отобраны особи, которые максимально различались по среднему значению изучаемого признака как в большую, так и в меньшую сторону (табл. 1). Всего отобрано 30 полиморфизмов. Среди них наибольшие значения достоверности различий ( $p < 0,000001$ ) показала замена в позиции 29154660. Низкий коэффициент вариации (3,31 %) выявлен для референсных гомозигот по замене в точке 29188932. Наибольшее значение коэффициента вариаций зафиксировано в размере 18,86 % также для референсных гомозигот, но в позиции 29047059. Для носителей большинства изученных полиморфизмов коэффициент вариации живой массы находился в пределах 14–17 %. Средняя масса тела среди референсных гомозигот была максимальной (55,59 кг) у носителей полиморфизма в позиции 29228531. Минимальный показатель средней массы тела в этой группе отмечали у животных с полиморфизмом в точке 29188932 – 41,65 кг. Это сочеталось с наименьшим в исследовании коэффициентом вариации массы тела между животными в группе. Среди носителей мутантного аллеля максимальная средняя масса 55,16 кг обнаружена у имеющих замену в позиции 29203675. Наименьшая средняя масса у животных с этим вариантом аллеля, 45,96 кг, выявлена по замене в точке 29224716. Максимальная разница по средней массе тела 10,96 кг (или 26 %) установлена у животных, различающихся по носи-

тельству референсного аллеля в гомозиготной форме с имеющими в геноме мутантный аллель в позиции 29188932. Масса тела отмечена больше у группы гетерозигот и мутантных гомозигот. Наименьшая разница в массе тела 4,22 кг выявлена среди особей, различающихся по генотипу в позиции 29357350. В этом случае средняя масса тела увеличилась у носителей исключительно

дикого аллеля в гомозиготном варианте. Особый интерес также представляют носители разных генотипов по позиции 29071055, разница в живой массе которых составила 8,54 кг, преобладая у имеющих только дикие аллели, тогда как в большинстве случаев масса была выше у имеющих в геноме мутантный аллель (гетерозиготы и мутантные гомозиготы).

**Таблица 1 – Показатели массы тела у баранов породы маньчский меринос с референсным гомозиготным генотипом (РГ) и имеющими мутантный аллель по исследуемым полиморфизмам (ГГ + МГ), кг / Table 1 – Body weight indices in rams of Manych merino breed with reference homozygous genotype (RG) and having mutant allele for the polymorphisms under study (RG + MG), kg**

Позиция на хромосоме / Position on the chromosome	РГ / RG, M±m	Cv, %	ГГ + МГ / RG + MG, M±m	Cv, %	Разница массы тела / Weight difference body	p-value
29040652	53,04±2,27	13,54	48,32±2,08	18,29	-4,73	0,00472**
29040877	55,20±2,55	13,05	47,84±1,82	16,98	-7,36	0,00472**
29047059	46,66±2,65	18,86	52,31±1,86	14,63	5,65	0,02612*
29047676	53,31±2,63	17,09	47,56±1,81	15,20	-5,76	0,00001**
29056772	55,01±2,81	15,32	47,57±1,72	15,77	-7,44	0,03708*
29071055	55,46±2,57	14,67	46,92±1,67	15,12	-8,54	0,01383*
29072396	55,01±2,81	15,32	47,57±1,72	15,77	-7,44	0,03708*
29102246	51,78±1,95	16,81	46,02±2,35	14,42	-5,75	0,04188*
29154660	52,91±1,99	15,03	46,31±2,27	17,00	-6,60	0,000001**
29178145	51,76±1,94	16,33	46,62±2,59	16,67	-5,14	0,02519*
29188932	41,65±0,56	3,31	52,61±1,71	15,28	10,96	0,01042*
29201375	48,24±1,87	17,73	55,03±2,35	11,29	6,78	0,04027*
29201398	48,63±1,91	17,60	53,36±2,71	14,37	4,72	0,04027*
29203675	48,50±1,81	17,53	55,16±2,63	11,67	6,66	0,04027*
29224716	53,18±1,96	14,76	45,96±2,22	16,70	-7,22	0,00488**
29228531	55,59±3,55	16,87	48,04±1,60	15,24	-7,55	0,04664*
29270141	52,59±2,25	16,54	47,15±2,07	15,80	-5,44	0,03265*
29270706	52,70±2,59	17,69	47,74±1,84	14,94	-4,96	0,03265*
29270762	52,70±2,59	17,69	47,74±1,84	14,94	-4,96	0,03265*
29353460	51,65±2,07	17,00	47,28±2,36	15,78	-4,37	0,01176*
29353737	51,65±2,07	17,00	47,28±2,36	15,78	-4,37	0,01176*
29353952	52,16±2,36	16,92	47,94±2,09	16,28	-4,22	0,00004**
29355063	52,11±1,98	16,14	46,49±2,41	16,42	-5,63	0,00005**
29356967	52,13±2,13	16,83	46,93±2,18	15,38	-5,21	0,01176*
29357350	52,16±2,36	16,92	47,94±2,09	16,28	-4,22	0,00004**
29357520	52,13±2,13	16,83	46,93±2,18	15,38	-5,21	0,01176*
29357834	52,13±2,13	16,83	46,93±2,18	15,38	-5,21	0,01176*
29357876	52,13±2,13	16,83	46,93±2,18	15,38	-5,21	0,01176*
29357970	52,13±2,13	16,83	46,93±2,18	15,38	-5,21	0,01176*
29358679	52,59±2,25	16,54	47,15±2,07	15,80	-5,44	0,00004**

Примечание: РГ – гомозиготный генотип по референсному аллелю; ГГ – гетерозиготный генотип; МГ – гомозиготный генотип по мутантному аллелю. Достоверность (p-value) указана для различий по средней живой массе между группой гомозигот по референсному аллелю (РГ) и группой животных, несущих мутантный аллель (ГГ + МГ): \* p<0,05; \*\* p<0,01 /

Note: RG – homozygous genotype for the reference allele; HG – heterozygous genotype; MG – homozygous genotype for the mutant allele. The significance (p-value) is indicated for the differences in average live weight between the group of homozygotes for the reference allele (RG) and the group of animals carrying the mutant allele (GG + MG): \* p<0.05; \*\* p<0.01

Для выявления влияния генотипа по полиморфизмам гена *FRY* на массу тела баранов породы маньчский меринос в случае, если референсный аллель находится в доминантном варианте гена, проведен анализ различий по массе тела между группами мутантных гомозигот и совокупной группой из гетерозигот и референсных гомозигот (носители предположительно доминантного аллеля). В результате достоверные различия ( $p < 0,05$ ) показали 214 локусов в составе гена *FRY* и фланкирующих его областей.

Среди выявленных локусов два относились к синонимичным заменам, 50 локусов представлены инсерциями и делециями, 14 полиморфизмов расположены в upstream, а 12 лока-

лизованы в downstream регионе. Остальные 186 полиморфизмов относились к интронным вариантам. Из них для дальнейшего анализа отобраны те, которые соответствовали двум основным критериям – наибольшая абсолютная разница по средней массе тела (как в большую, так и в меньшую сторону) и наличие не менее 4 носителей в любой из сравниваемых групп. В результате отобрано 16 полиморфизмов (табл. 2). Минимальную вариабельность по живой массе (всего 3,61 %) показали животные, имеющие в геноме мутантный гомозиготный генотип по замене в позиции 29192524. Самый высокий коэффициент вариации 17,01 % отмечен у животных с наличием референсного аллеля в генотипе по замене в точке 29211280.

**Таблица 2 – Показатели массы тела у баранов породы маньчский меринос с мутантным гомозиготным генотипом (МГ) и носителями референсного аллеля (РГ + ГГ) по исследуемым полиморфизмам, кг /  
Table 2 – Body weight indicators in Manych Merino rams with a mutant homozygous genotype (MG) and carriers of the reference allele (RG + GG) for the studied polymorphisms, kg**

Позиция на хромосоме / Position on the chromosome	МГ / MG, M±m	Cv, %	РГ + ГГ / RG + GG, M±m	Cv, %	Разница массы тела / Weight difference body	p-value
29039979	42,92±1,64	8,53	51,83±1,75	16,23	8,91	0,00089**
29044849	42,92±1,64	8,53	51,83±1,75	16,23	8,91	0,00089**
29045068	42,90±2,05	9,54	51,48±1,72	16,36	8,58	0,00472**
29071055	44,39±2,33	13,87	52,11±1,82	16,01	7,72	0,01383*
29108107	54,96±3,07	16,74	47,60±1,63	14,89	-7,36	0,04253*
29168628	42,58±1,67	8,80	51,92±1,73	16,00	9,34	0,00064**
29171217	45,17±2,27	15,88	52,88±1,88	15,11	7,70	0,01228*
29188706	54,96±2,32	13,36	47,21±1,86	16,70	-7,75	0,01267*
29188854	55,23±2,84	14,53	47,83±1,74	16,31	-7,39	0,03425*
29188932	55,70±2,57	13,85	47,22±1,71	15,83	-8,48	0,01042*
29192524	41,74±0,87	3,61	51,33±1,67	16,31	9,59	0,00001**
29195283	58,59±2,85	9,73	48,34±1,62	16,40	-10,25	0,01009*
29202323	54,66±2,76	15,12	47,74±1,78	16,24	-6,92	0,04136*
29203721	54,66±2,76	15,12	47,74±1,78	16,24	-6,92	0,04136*
29211280	56,03±2,74	11,97	48,23±1,75	17,01	-7,80	0,02547*
29219339	60,11±2,77	9,23	48,04±1,53	15,59	-12,07	0,00385**

Примечание: РГ – гомозиготный генотип по референсному аллелю; ГГ – гетерозиготный генотип; МГ – гомозиготный генотип по мутантному аллелю. Достоверность указана для различий средней живой массы между группой мутантных гомозигот (МГ) и группой носителей референсного аллеля (РГ + ГГ): \*  $p < 0,05$ ; \*\*  $p < 0,01$  /

Note: RG – homozygous genotype for the reference allele; HG – heterozygous genotype; MG – homozygous genotype for the mutant allele. The reliability is indicated for the differences in average live weight between the group of mutant homozygotes (MG) and the group of carriers of the reference allele (RG + GG): \*  $p < 0.05$ ; \*\*  $p < 0.01$ .

Наибольший показатель достоверности различий ( $p < 0,00001$ ) по средней живой массе между носителями изучаемых генотипов (референсных гомозигот и носителей мутантного аллеля в любом виде) выявлен для замены в позиции 29192524. Наибольшая разница

по массе тела с преобладанием в группе носителей мутантных гомозиготных генотипов зафиксирована в размере 12,07 кг (25 %) у имеющих полиморфизмы в позиции 29219339. У носителей мутантного гомозиготного генотипа по замене в этой точке (29219339) также

зафиксирована максимальная средняя масса тела 60,11 кг среди групп изучаемых животных. Минимальная средняя масса среди мутантных гомозигот (41,74 кг) обнаружена в группе животных, имеющих замену в позиции 29192524. У маньчских меринсов, имеющих в генотипах по исследуемым полиморфизмам референсный аллель, максимальная масса тела составила 52,88 кг, которая обнаружена у носителей полиморфизма в позиции 29171217. Минимум средней массы тела в этой группе вариантов

генотипов (47,21 кг) выявлен у носителей полиморфизмов в точке 29188706.

Большая часть обнаруженных полиморфизмов, имеющих достоверную связь с живой массой у баранов породы маньчский меринс, при сравнении носителей чисто референсного генотипа и имеющих в наличии хотя бы один мутантный аллель, ранее выявлена у других пород овец и внесена в международную базу данных. Расположение и характеристика этих полиморфизмов приведены в таблице 3.

*Таблица 3 – Характеристика полиморфизмов, ассоциированных с разницей в массе тела у маньчских меринсов при сравнении носителей референсного гомозиготного генотипа (РГ) и имеющими мутантный аллель по исследуемым полиморфизмам (ГГ + МГ) /*

*Table 3 – Characteristics of polymorphisms associated with differences in body weight in Manych merinos when comparing carriers of the reference homozygous genotype (RG) and those with a mutant allele for the polymorphisms under study (GG + MG)*

Позиция / Position	Название / Name	Расположение в гене / Location	Аллель / Allele	
			референсный / reference	мутантный / mutant
29040652	rs413488815	c.8826+1250A>C	T	G
29040877	rs402517549	c.8826+1025G>A	C	T
29047059	rs403455963	c.8494-1623C>T	G	A
29047676	rs421172443	c.8493+1017C>T	G	A
29056772	rs160505656	c.7774-2774C>T	G	A
29071055	rs413720596	c.7045-753G>A	C	T
29072396	rs405254336	splice_region c.6874-7A>G	T	C
29102246	rs419207589	c.4783-702T>A	A	T
29154660	rs603019216	c.2012-508T>C	A	G
29178145	Нет в базе / Not in the database	c.1246-200_1246-199insG	accccccc	aCcccccc
29188932		c.824+1562G>T	A	C
29201375	rs403431402	c.684+199A>G	T	C
29201398	rs416499425	c.684+176T>C	A	G
29203675	rs414218162	c.631-2048T>C	A	G
29224716	Нет в базе / Not in the database	c.630+5647_630+5648insG	TCCCCC	TCCCCC
29228531		c.630+1839C>G	C	G
29270141	rs420021997	c.431-39572G>C	C	G
29270706	rs424583673	c.431-40137A>G	T	C
29270762	rs414873089	c.431-40193T>G	A	C
29353460	rs404511892	c.430+5785G>A	C	T
29353737	rs430198433	c.430+5508G>A	C	T
29353952	rs402566324	c.430+5293T>C	A	G
29355063	Нет в базе	c.430+4182G>A	C	T
29356967	rs161989759	c.430+2278T>C	A	G
29357350	rs430792415	c.430+1895A>G	T	C
29357520	rs161989762	c.430+1725A>G	T	C
29357834	rs399191345	c.430+1411T>C	A	G
29357876	rs412458455	c.430+1369A>G	T	C
29357970	Нет в базе / Not in the database	c.430+1273delT	TAA	TA
29358679	rs429507742	c.430+566T>C	A	G

Все обнаруженные структурные изменения в гене располагались в области интронов, при этом замена в позиции 29072396 находилась в подтвержденной области регуляции сплайсинга. Два полиморфизма в позициях 29178145 и 29224716 имели вид инсерций одного нуклеотида G и ранее не внесены в базу данных полиморфизмов. Также впервые обнаружены однонуклеотидные замены в позициях 29188932, 29228531, 29355063 и 29357970. В расположенных рядом с геном *FRY3* 3' и 5' нетранслируемых областях, локусе промотера, а также прилегающих к гену зонах ДНК, ассоциированные с массой полиморфизмы не установлены.

Почти все выявленные полиморфизмы с достоверной связью с живой массой у баранов породы маньчский меринос, при сравнении носителей мутантного генотипа и имеющих в наличии хотя бы один референсный аллель,

ранее описаны у других пород овец. Расположение и характеристика этих полиморфизмов приведены в таблице 4. Все обнаруженные структурные изменения в гене располагались в области интронов, при этом в позициях 29045068 и 29192524 выявлены инсерции, а остальные варианты полиморфизмов относились к однонуклеотидным заменам. Эти две инсерции, а также замены в позициях 29108107, 29171217, 29188706, 29188854, 29188932 и 29203721 не внесены в международные базы данных и выявлены нами у овец впервые. В расположенных рядом с геном *FRY3* 3' и 5' нетранслируемых областях, локусе промотера, а также прилегающих к гену зонах ДНК, ассоциированные с живой массой у животных, различающихся по носительству референсного аллеля, полиморфизмы, не обнаружены.

**Таблица 4 – Характеристика полиморфизмов, ассоциированных с разницей в массе тела у маньчских мериносов при сравнении носителей мутантного гомозиготного генотипа и имеющими в геноме референсный аллель (МГ против ГГ + РГ) /**

**Table 4 – Characterization of polymorphisms associated with differences in body weight in Manch merinos when comparing carriers of the mutant homozygous genotype and those with the reference allele in the genome (MG vs. GG + RG)**

Позиция / Position	Название / Name	Расположение в гене / Location	Аллель / Allele	
			референсный / reference	мутантный / mutant
29039979	rs160505386	c.8826+1923A>G	T	C
29044849	rs425465855	c.8643+438A>G1	T	C
29045068	Нет в базе / Not in the database	c.8643+212_8643+213insC	agggggg	aGgggggg
29071055	rs413720596	c.7045-753G>A	C	T
29108107	Нет в базе / Not in the database	c.4378+1011C>T	A	G
29168628	rs412397904	c.1540-2400A>G	T	C
29171217	Нет в базе / Not in the database	c.1539+4288A>G	C	T
29188706	Нет в базе / Not in the database	c.824+1788A>T	A	T
29188854	Нет в базе / Not in the database	c.824+1640A>G	C	T
29188932	Нет в базе / Not in the database	c.824+1562G>T	A	C
29192524	Нет в базе / Not in the database	c.685-1907_685-1906insTAATCATA	AATGATTATATGAT TA	AATGATTATATGAT TATATGATTA
29195283	rs411856845	c.685-4650C>T	G	A
29202323	rs419025200	c.631-696G>A	C	T
29203721	Нет в базе / Not in the database	c.631-2094A>T	A	T
29211280	rs424240714	c.631-9653T>C	A	G
29219339	rs424225505	c.630+11031G>A	C	T

Для поиска новых молекулярно-генетических маркеров мясной продуктивности у овец российских пород впервые проведено исследование структуры гена *FRY* по данным полногеномного секвенирования. Объектом изучения служили бараны породы маньчский меринос, перспективной в плане селекции для получения высококачественной баранины в промышленных масштабах. Изучалась связь наличия в геноме референсного и мутантного аллелей по всем обнаруженным в области гена *FRY* полиморфизмам с массой животных. В результате выявлено более 40 полиморфизмов, достоверно ассоциированных с изучаемым показателем, что позволяет рассматривать их как перспективные молекулярные маркеры для селекции.

Ген *FRY* (*FRY* microtubule binding protein) выбрали для изучения как потенциальный генкандидат на основании анализа результатов исследований по полногеномному поиску ассоциаций с признаками мясной продуктивности у овец. Проведенные нами ранее работы с использованием ДНК-чипов Illumina также подтвердили достоверную связь локуса генома, содержащего ген *FRY*, с параметрами живой массы у овец мериносовых пород [7]. Задачей настоящего исследования было выявление конкретных полиморфизмов в составе гена, которые могут быть связаны с ростом и развитием животных.

Для обнаружения полиморфизмов, ассоциированных с живой массой у маньчских мериносов, использовали два варианта проведения исследований для каждого полиморфизма. В первом варианте, выборку животных разделили на две группы – носители только референсного аллеля (референсные гомозиготы) и вторая группа, имеющие в геноме оба варианта носительства мутантного аллеля, то есть гетерозиготы и мутантные гомозиготы. Во втором варианте первая группа состояла из носителей только мутантного аллеля (мутантные гомозиготы), а во вторую вошли имеющие любой вариант присутствия референсного аллеля – гетерозиготы и референсные гомозиготы. Такой подход обусловлен тем, что один из аллелей может быть связан с доминирующим вариантом гена и оказывать одинаковое влияние как в гомозиготном, так и гетерозиготном вариантах. Представленный способ использован последовательно для изучения каждого из 4800 обнаруженных в составе гена *FRY* полиморфизмов.

Полученные результаты подтвердили наши предположения о наличии в составе гена *FRY* полиморфизмов, ассоциированных с показателями живой массы у маньчских мериносов. Несмотря на описанную в литературе высокую эволюционную консервативность гена от насекомых до высших млекопитающих [16], проведенное исследование показало наличие в его составе значительного количества полиморфизмов, причем многие из них имели достаточно высокую частоту встречаемости в популяции обследованных животных, что позволяет на основе их изучения проводить селекционный отбор.

Первый вариант проведения оценки связи мутантного аллеля в генотипах по изучаемым заменам позволил выявить 30 полиморфизмов, с достаточно выраженными различиями по показателям живой массы. Разница в среднем весе между выделяемыми по каждому полиморфизму группами животных составила от 4,22 до 10,96 кг, так как в процессе оценки влияния полиморфизмов мы отбирали те, для которых различия по средней живой массе между носителями разных аллельных вариантов были наиболее выражены. Большинство из них можно предложить в качестве молекулярных маркеров, так как генотипирование по выявленным заменам позволит прогнозировать живую массу отдельных особей. Но наибольший интерес представляют два полиморфизма – в позициях 29188932 и 29071055. Выявление хотя бы одной мутантной копии в точке 29188932 позволяет считать высокой вероятностью того, что животное будет иметь повышенную живую массу по сравнению с другими особями в популяции. В нашем случае разница в среднем живом весе носителей мутантного аллеля до 26 %, что указывает на возможный уровень повышения мясной продуктивности при использовании в селекционном отборе именно такого варианта генотипа. При сравнении животных с мутантным гомозиготным генотипом по этому полиморфизму с имеющими в геноме референсный аллель (второй вариант изучения влияния полиморфизмов) также выявлена подобная закономерность. Мутантные гомозиготы превосходили другую группу животных с референсным аллелем в среднем на 8,48 кг, что составляет более 18 %. Таким образом, при закреплении в популяции гена *FRY* с мутантным гомозиготным генотипом по замене в позиции 29188932

животные будут иметь более высокую живую массу, а гомозиготность не позволит появляться потомству с референсным гомозиготным генотипом, отличающемуся низкими показателями живой массы.

Полиморфизм в позиции 29071055 имеет особенность в том, что носители его референсного гомозиготного генотипа, а не мутантного аллеля, превосходят других животных по живому весу в среднем на 8,54 кг, что составляет 18 %. Имеющие в геноме мутантный гомозиготный генотип по этому полиморфизму достоверно меньше остальных особей на 7,72 кг, или 15 %. Этот результат указывает на необходимость отбора для разведения исключительно особей с референсным гомозиготным генотипом по полиморфизму в точке 29071055 для повышения продуктивности и предотвращения расщепления при дальнейшем скрещивании.

Еще один полиморфизм в позиции 29219339 заслуживает особого внимания, так как носители мутантного гомозиготного генотипа по этому локусу имели максимальную разницу в живой массе по сравнению с животными, имеющими референсный аллель. Разница составила 12,07 кг, или 25 %.

Все три полиморфизма с наибольшим влиянием на живую массу у маньчжских мериносов 29188932, 29071055 и 29219339 имеют вид однонуклеотидных замен. При этом замены в точках 29071055 и 29219339 ранее описаны у овец и имеют номенклатурные номера rs413720596 и rs424225505 соответственно. Полиморфизм в позиции 29188932 обнаружен нами впервые и не внесен в международные базы данных.

Одним из наиболее изученных генов, влияющих на мясную продуктивность у животных, является ген миостатина. Тестирование его структуры уже достаточно широко используется в маркер-ассоциированной селекции для прогнозирования выхода мясной продукции. Наши исследования показали, что различия в живом весе маньчжских мериносов с разными генотипами по полиморфизмам гена *FRY* показывают даже большую величину, чем у овец с разными генотипами по полиморфизмам гена миостатина, описанным Н. М. Осман с соавторами (N. M. Osman et al., 2021) [17]. Это подтверждает связь структурных особенностей гена *FRY* с показателями мясной продуктивности у овец и открывает перспективы использования

генотипирования по выявленным нами полиморфизмам в селекционной работе.

Изучение функционального значения выявленных однонуклеотидных замен и других полиморфизмов показало, что они располагаются не в кодирующей белок последовательности нуклеотидов, а находятся между экзонами гена. Таким образом, при их наличии не образуется условий для грубых изменений в аминокислотной последовательности кодируемого протеина, таких как стоп-кодоны и сдвиги рамки считывания. Однако локализация полиморфизмов в области интронов также может оказывать влияние на функциональные свойства белка за счет изменения механизмов посттранскрипционной модификации матричной РНК в процессе сплайсинга. Причем один из обнаруженных полиморфизмов в позиции 29072396 как раз локализовался в области подтвержденного участка регуляции сплайсинга. Значение расположенных в интронах полиморфизмов для реализации продуктивных качеств у овец ранее подтверждено на примере изучения однонуклеотидных замен в гене миостатина. Выявлена достоверная связь подобных мутаций с показателями мясной продуктивности мериносовых овец европейской генерации [6]. Все это указывает на важность дальнейшего изучения механизмов влияния выявленных полиморфизмов в гене *FRY* на рост и развитие овец различных пород. При этом уже полученных данных об ассоциации полиморфизмов с продуктивными качествами вполне достаточно для использования их в качестве молекулярных маркеров при селекции для повышения выхода баранины.

**Заключение.** С использованием данных полногеномного секвенирования нами изучена структура гена *FRY* у овец породы маньчжский меринос, что позволило проанализировать 4800 полиморфизмов для оценки их связи с живой массой у исследуемых животных. Выявлены 214 полиморфизмов с достоверными различиями по изучаемому показателю между носителями референсного гомозиготного генотипа и животными, имеющими в составе генотипа мутантный аллель. Из них 30 полиморфизмов показали наибольшие различия в средней живой массе между группами животных – от 4,22 до 10,96 кг. Для 16 полиморфизмов установлено различие в живом весе у носителей референсного аллеля по сравнению с мутантными гомозиготами. При этом достоверное различие в средней массе

между группами животных составило от 6,92 до 12,07 кг. Большая часть обнаруженных полиморфизмов локализовалась в интронах гена и представлена однонуклеотидными заменами. Среди выявленных полиморфизмов 14 описаны у овец впервые. Учитывая выраженную разницу

в живой массе между носителями разных генотипов по выявленным однонуклеотидным полиморфизмам, необходимо проведение их дальнейшего изучения и возможного использования в качестве маркеров при селекционной работе для повышения мясной продуктивности овец.

### References

1. Kostusiak P., Slószar J., Gołębiewski M., Grodkowski G., Puppel K. Polymorphism of genes and their impact on beef quality. *Current Issues in Molecular Biology*. 2023;45(6):4749–4762. DOI: <https://doi.org/10.3390/cimb45060302>
2. Abdelmoneim T. S., Brooks P. H., Afifi M., Swelum A. A. A. Sequencing of growth hormone gene for detection of polymorphisms and their relationship with body weight in Harri sheep. *Indian Journal of Animal Research*. 2017;51(2):205–211. DOI: <https://doi.org/10.18805/ijar.11457>
3. Prihandini P. W., Hariyono D. N., Tribudi Y. A. Myostatin gene as a genetic marker for growth and carcass traits in beef cattle. *Indonesian Bulletin of Animal Veterinary Sciences*. 2021;31(1):37–42. DOI: <https://doi.org/10.14334/wartazoa.v31i1.2530>
4. Zhao K., Li X., Liu D., Wang L., Pei Q., Han B. et al. Genetic Variations of MSTN and Callipyge in Tibetan Sheep: Implications for Early Growth Traits. *Genes (Basel)*. 2024;15(7):921. DOI: <https://doi.org/10.3390/genes15070921>
5. Sousa-Junior L. P. B., Meira A. N., Azevedo H. C., Muniz E. N., Coutinho L. L., Mourão G. B. et al. Variants in myostatin and MyoD family genes are associated with meat quality traits in Santa Inês sheep. *Animal Biotechnology*. 2022;33(2):201–213. DOI: <https://doi.org/10.1080/10495398.2020.1781651>
6. Grochowska E., Borys B., Mroczkowski S. Effects of intronic SNPs in the myostatin gene on growth and carcass traits in colored Polish merino sheep. *Genes (Basel)*. 2020;11(1):2. DOI: <https://doi.org/10.3390/genes11010002>
7. 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;24(8):836–843. DOI: <https://doi.org/10.18699/VJ20.681> EDN: EEQNNA
8. Krivoruchko A. Y., Yatsyk O. A., Safaryan E. Y. Candidate genes for productivity identified by genome-wide association study with indicators of class in the russian meat merino sheep breed. *Vavilovsky zhurnal genetiki i seleksii* = *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2020;24(8):836–843. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.18699/VJ20.681>
9. Nagai T., Mizuno K. Multifaceted roles of Furry proteins in invertebrates and vertebrates. *The Journal of Biochemistry*. 2014;155(3):137–146. DOI: <https://doi.org/10.1093/jb/mvu001>
10. Ahbara A., Bahbahani H., Almathen F., Al Abri M., Agoub M. O., Abeba A. et al. Genome-Wide Variation, Candidate Regions and Genes Associated With Fat Deposition and Tail Morphology in Ethiopian Indigenous Sheep. *Frontiers in Genetics*. 2018;9:699. DOI: <https://doi.org/10.3389/fgene.2018.00699>
11. Zhang L., Mousel M. R., Wu X., Michal J. J., Zhou X., Ding B. et al. Genome-wide genetic diversity and differentially selected regions among Suffolk, Rambouillet, Columbia, Polypay, and Targhee sheep. *PLoS ONE*. 2013;8(6):e65942. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0065942>
12. Romaniuk E., Vera B., Peraza P., Ciappesoni G., Damián J. B., Lier E. V. Identification of Candidate Genes and Pathways Linked to the Temperament Trait in Sheep. *Genes (Basel)*. 2024;15(2):229. DOI: <https://doi.org/10.3390/genes15020229>
13. Patiabadi Z., Razmkabir M., Esmailizadeh Koshkoiyeh A., Moradi M. H., Rashidi A., Mahmoudi P. et al. Whole-genome scan for selection signature associated with temperature adaptation in Iranian sheep breeds. *PLoS ONE*. 2024;19(8):e0309023. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0309023>
14. Becker G. M., Thorne J. W., Burke J. M., Lewis R. M., Notter D. R., Morgan J. L. M. et al. Genetic diversity of United States Rambouillet, Katahdin and Dorper sheep. *Genetics Selection Evolution*. 2024;56:56. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12711-024-00905-7>
15. Adeniyi O. O., Lenstra J. A., Mastrangelo S., Lühken G. Genome-wide comparative analyses for selection signatures indicate candidate genes for between-breed variability in copper accretion in sheep. *Animal*. 2024;18(10):101329. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.animal.2024.101329>
16. Liu Y., Chen X., Gong Z., Zhang H., Fei F., Tang X. et al. Fry Is Required for Mammary Gland Development During Pregnant Periods and Affects the Morphology and Growth of Breast Cancer Cells. *Frontiers in Oncology*. 2019;9:1279. DOI: <https://doi.org/10.3389/fonc.2019.01279>

16. Ikeda M., Chiba S., Ohashi K., Mizuno K. Furry protein promotes aurora A-mediated Polo-like kinase 1 activation. *Journal of Biological Chemistry*. 2012;287(33):27670–27681.

DOI: <https://doi.org/10.1074/jbc.M112.378968>

17. Osman N. M., Shafey H. I., Abdelhafez M. A., Sallam A. M., Mahrous K. F. Genetic variations in the Myostatin gene affecting growth traits in sheep. *Veterinary World*. 2021;14(2):475–482.

DOI: <https://doi.org/10.14202/vetworld.2021.475-482>

**Вклад авторов:** Криворучко А. Ю. – концепция и план исследования, анализ данных, подготовка рукописи; Скорых Л. Н. – концепция и анализ данных; Криворучко О. Н. – анализ данных; Каниболоцкая А. А. – анализ данных, подготовка рукописи; Яцык О. А. – концепция и план исследования. Кононова Л. В., Сафарян Е. Ю. – концепция и план исследования, анализ данных.

#### *Сведения об авторах*

**Криворучко Александр Юрьевич**, доктор биол. наук, главный научный сотрудник лаборатории геномной селекции и репродуктивной криобиологии в животноводстве, Всероссийский научно-исследовательский институт овцеводства и козоводства – филиал ФГБНУ «Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр», д. 15, пер. Зоотехнический, г. Ставрополь, Российская Федерация, 355017, e-mail: [vniiook@fnac.center](mailto:vniiook@fnac.center); профессор базовой кафедры генетики и селекции медико-биологического факультета ФГАОУ ВО «Северо-Кавказский федеральный университет», ул. Пушкина, д. 1, г. Ставрополь, Российская Федерация, 355017, e-mail: [info@ncfu.ru](mailto:info@ncfu.ru), ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4536-1814>

**Скорых Лариса Николаевна**, доктор биол. наук, главный научный сотрудник лаборатории геномной селекции и репродуктивной криобиологии в животноводстве, Всероссийский научно-исследовательский институт овцеводства и козоводства – филиал ФГБНУ «Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр», д. 15, пер. Зоотехнический, г. Ставрополь, Российская Федерация, 355017, e-mail: [vniiook@fnac.center](mailto:vniiook@fnac.center); профессор базовой кафедры генетики и селекции медико-биологического факультета ФГАОУ ВО «Северо-Кавказский федеральный университет», ул. Пушкина, д. 1, г. Ставрополь, Российская Федерация, 355017, e-mail: [info@ncfu.ru](mailto:info@ncfu.ru), ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6090-4453>

**Криворучко Ольга Николаевна**, аспирант, Всероссийский научно-исследовательский институт овцеводства и козоводства – филиал ФГБНУ «Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр», д. 15, пер. Зоотехнический, г. Ставрополь, Российская Федерация, 355017, e-mail: [vniiook@fnac.center](mailto:vniiook@fnac.center), ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4737-2982>

✉ **Каниболоцкая Анастасия Александровна**, кандидат биол. наук, старший научный сотрудник лаборатории геномной селекции и репродуктивной криобиологии в животноводстве, Всероссийский научно-исследовательский институт овцеводства и козоводства – филиал ФГБНУ «Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр», д. 15, пер. Зоотехнический, г. Ставрополь, Российская Федерация, 355017, e-mail: [vniiook@fnac.center](mailto:vniiook@fnac.center), ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-3003-4175>, e-mail: [dorohin.2012@inbox.ru](mailto:dorohin.2012@inbox.ru)

**Яцык Олеся Андреевна**, кандидат биол. наук, старший научный сотрудник лаборатории геномной селекции и репродуктивной криобиологии в животноводстве, Всероссийский научно-исследовательский институт овцеводства и козоводства – филиал ФГБНУ «Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр», д. 15, пер. Зоотехнический, г. Ставрополь, Российская Федерация, 355017, e-mail: [vniiook@fnac.center](mailto:vniiook@fnac.center), ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-2730-2482>

**Кононова Лидия Валентиновна**, кандидат с.-х. наук, ведущий научный сотрудник лаборатории разведения и селекции сельскохозяйственных животных, Всероссийский научно-исследовательский институт овцеводства и козоводства – филиал ФГБНУ «Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр», д. 15, пер. Зоотехнический, г. Ставрополь, Российская Федерация, 355017, e-mail: [vniiook@fnac.center](mailto:vniiook@fnac.center), ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-3812-9099>

**Сафарян Елена Юрьевна**, кандидат биол. наук, старший научный сотрудник лаборатории геномной селекции и репродуктивной криобиологии в животноводстве, Всероссийский научно-исследовательский институт овцеводства и козоводства – филиал ФГБНУ «Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр», д. 15, пер. Зоотехнический, г. Ставрополь, Российская Федерация, 355017, e-mail: [vniiook@fnac.center](mailto:vniiook@fnac.center); доцент базовой кафедры генетики и селекции медико-биологического факультета ФГАОУ ВО «Северо-Кавказский федеральный университет», ул. Пушкина, д. 1, г. Ставрополь, Российская Федерация, 355017, e-mail: [info@ncfu.ru](mailto:info@ncfu.ru), ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-2049-842X>

**Author contributions:** Krivoruchko A. Yu. – research concept and plan, data analysis, manuscript preparation; Skorykh L. N. – data concept and analysis; Krivoruchko O. N. – data analysis; Kanibolotskaya A. A. – data analysis, manuscript preparation; Yatsyk O. A. – research concept and plan; Kononova L. V., Safaryan E. Yu. – research concept and plan, data analysis.

**Information about the authors**

**Alexander Yu. Krivoruchko**, DSc in Biology, chief researcher, the Laboratory of Genomic Breeding and Reproductive Cryobiology in Animal Husbandry, VNIIOK – branch North Caucasus Federal Agricultural Research Centre, 15 Zootekhnicheskoy Lane, Stavropol, Russian Federation, 355017, e-mail: [vniiook@fnac.center](mailto:vniiook@fnac.center); professor at the Department of Genetics and Breeding, Faculty of Medicine and Biology, North-Caucasus Federal University, Pushkin St., 1, Stavropol, Russian Federation, 355017, e-mail: [info@ncfu.ru](mailto:info@ncfu.ru), **ORCID:** <https://orcid.org/0000-0003-4536-1814>

**Larisa N. Skorykh**, DSc in Biology, chief researcher, the Laboratory of Genomic Breeding and Reproductive Cryobiology in Animal Husbandry, VNIIOK – branch North Caucasus Federal Agricultural Research Centre, 15 Zootekhnicheskoy Lane, Stavropol, Russian Federation, 355017, e-mail: [vniiook@fnac.center](mailto:vniiook@fnac.center); professor at the Department of Genetics and Breeding, Faculty of Medicine and Biology, North-Caucasus Federal University, Pushkin St., 1, Stavropol, Russian Federation, 355017, e-mail: [info@ncfu.ru](mailto:info@ncfu.ru),

**ORCID:** <https://orcid.org/0000-0002-6090-4453>

**Olga N. Krivoruchko**, graduate student, VNIIOK – branch North Caucasus Federal Agricultural Research Centre, 15 Zootekhnicheskoy Lane, Stavropol, Russian Federation, 355017, e-mail: [vniiook@fnac.center](mailto:vniiook@fnac.center),

**ORCID:** <https://orcid.org/0000-0002-4737-2982>

✉ **Anastasia A. Kanibolotskaya**, PhD in Biology, senior researcher, the Laboratory of Genomic Breeding and Reproductive Cryobiology in Animal Husbandry, VNIIOK – branch North Caucasus Federal Agricultural Research Centre, 15 Zootekhnicheskoy Lane, Stavropol, Russian Federation, 355017, e-mail: [vniiook@fnac.center](mailto:vniiook@fnac.center),

**ORCID:** <https://orcid.org/0000-0003-3003-4175>, e-mail: [dorohin.2012@inbox.ru](mailto:dorohin.2012@inbox.ru)

**Olesya A. Yatsyk**, PhD in Biology, senior researcher, the Laboratory of Genomic Breeding and Reproductive Cryobiology in Animal Husbandry, VNIIOK – branch North Caucasus Federal Agricultural Research Centre, 15 Zootekhnicheskoy Lane, Stavropol, Russian Federation, 355017, e-mail: [vniiook@fnac.center](mailto:vniiook@fnac.center),

**ORCID:** <https://orcid.org/0000-0003-2730-2482>

**Lidia V. Kononova**, PhD in Agricultural Science, leading researcher, the Laboratory of Breeding and Selection of Farm Animals, VNIIOK – branch North Caucasus Federal Agricultural Research Centre, 15 Zootekhnicheskoy Lane, Stavropol, Russian Federation, 355017, e-mail: [vniiook@fnac.center](mailto:vniiook@fnac.center), **ORCID:** <https://orcid.org/0000-0003-3812-9099>

**Elena Yu. Safaryan**, PhD in Biology, senior researcher, the Laboratory of Genomic Breeding and Reproductive Cryobiology in Animal Husbandry, VNIIOK – branch North Caucasus Federal Agricultural Research Centre, 15 Zootekhnicheskoy Lane, Stavropol, Russian Federation, 355017, e-mail: [vniiook@fnac.center](mailto:vniiook@fnac.center); associate professor at the Department of Genetics and Breeding, Faculty of Medicine and Biology, North-Caucasus Federal University, Pushkin St., 1, Stavropol, Russian Federation, 355017, e-mail: [info@ncfu.ru](mailto:info@ncfu.ru),

**ORCID:** <https://orcid.org/0000-0002-2049-842X>

✉ – Для контактов / Corresponding author