

DOI 10.52368/2078-0109-2023-43-48
УДК 636.2.082.25:636.2.033:575.174.015

ГЕН *HERC3* КАК ГЕНЕТИЧЕСКИЙ МАРКЕР СРЕДНЕСУТОЧНОГО ПРИРОСТА У КАЗАХСКОГО БЕЛОГОЛОВОГО СКОТА

*Белая Е.В. ORCID ID 0000-0003-1786-0341, **Бейшова И.С. ORCID ID 0000-0001-5293-2190,
***Селионова М.И. ORCID ID 0000-0002-9501-8080, *Бирг В.С. ORCID ID 0009-0006-6348-9909,
*Снагощенко К.И. ORCID ID 0009-0007-0305-8987

*УО «Белорусский государственный педагогический университет имени Максима Танка»,
г. Минск, Республика Беларусь

**НАО «Западно-Казахстанский аграрно-технический университет имени Жангир хана»,
г. Уральск, Республика Казахстан

***ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева»,
г. Москва, Российская Федерация

*В результате GWAS, проведенного с применением однолокусной линейной модели на основании данных, полученных с помощью чипа GeneSeek GGP Bovine 150 K, для 790 бычков казахской белоголовой породы, установлено 81 SNP, ассоциированных со среднесуточным приростом, из которых 66 SNP расположены в пределах 29 белок-кодирующих генов. Охарактеризованы биологические пути, через которые гены-кандидаты включаются в контроль развития признака среднесуточного прироста у молодняка казахской белоголовой породы. Более подробно рассмотрен и обсуждается ген *HERC3*, для которого идентифицировано 12 SNP. **Ключевые слова:** казахская белоголовая порода, полногеномный поиск ассоциаций, ген-кандидат, аллель, полиморфизм, *HECT* и *RLD* домен, содержащий *E3* убиквитин белок лигаза 3.*

HERC3 GENE AS A GENETIC MARKER OF AVERAGE DAILY GAIN IN KAZAKH WHITE-HEADED CATTLE

*Belaya E.V., **Beyshova I.S., ***Selionova M.I., *Birg V.S., *Snagoschenko K.I.

*Belarusian State Pedagogical University named after Maxim Tank, Minsk, Republic of Belarus

**NAO "West Kazakhstan Agrarian and Technical University named after Zhangir Khan",
Uralsk, Republic of Kazakhstan

***Russian State Agrarian University - MSHA named after K.A. Timiryazev, Moscow, Russian Federation

*As a result of GWAS performed using a single-locus linear model on the basis of the data obtained using the GeneSeek GGP Bovine 150 K chip for 790 bulls of the Kazakh White-headed breed, 81 SNPs associated with the average daily gain were established, of which 66 SNPs are located within 29 protein-coding genes. The biological pathways through which the candidate genes are included in the control of the development of the sign of average daily gain in the young stock of the Kazakh White-headed breed have been characterized. The *HERC3* gene, for which 12 SNPs have been identified, is considered and discussed in more detail. **Keywords:** Kazakh White-headed breed, full-genome association search, candidate gene, allele, polymorphism, *HECT* and *RLD* domain containing *E3* ubiquitin protein ligase 3.*

Введение. На сегодня учеными достоверно установлено, что развитие того или иного признака продуктивных способностей сельскохозяйственных животных при любых условиях внешней среды постоянно и вполне напрямую зависит от аллельного состояния аллельных локусов в генах. Такие гены называются генами количественных признаков (Quantitative Trait Loci, QTL). Доказана высокая информативность однонуклеотидных полиморфизмов (SNP) в геноме, т.е. молекулярно-генетических маркеров SNP, ассоциированных с желательным сочетанием хозяйственно ценных признаков. Молекулярно-генетические методы, разработанные учеными на уровне ДНК, позволяют отбирать животных непосредственно по генотипу [1].

Однако ограничением метода до сих пор является недостаточное понимание принципов работы генома и реальных механизмов проявления признаков. Этот факт поднимает фундаментальные вопросы о том, как генетическая изменчивость влияет на генетические системы, создавая фенотипы. Несмотря на огромные успехи в разработке подходов к общегеномному прогнозированию количественных признаков, существуют серьезные проблемы с полным пониманием эффектов очень малых воздействий на системы организма, а также до сих пор существует ограниченное понимание работы и взаимной регуляции клеточных сетей. Являясь дискретными и функционально автономными сообществами генов и продуктов их экспрессии, локальные генные сети интегрируются в одну глобальную сеть организма. Таким образом, в концепции биоинформатики каждая особь представляет собой глобальную сеть из множества локальных генных сетей – «сеть сетей» [2].

В настоящее время наше понимание клеточных регуляторных сетей остается неполным, но соответствующие связи, вероятно, включают все уровни взаимодействий между клеточными молекулами, включая транскрипционные сети, посттрансляционные модификации, белок-белковые взаимодействия и межклеточную передачу сигналов. В некоторых случаях удалось выяснить наиболее важные связи в регуляторных сетях генов, контролирующей развитие признака [3]. Однако у нас все еще очень ограниченные знания о том, как более слабые эффекты, такие как экспрессионные QTL, пронизывают всю регуляторную сеть. Интеграция различных локальных генных сетей в организме может быть горизонтальной и вертикальной. При этом иерархические генные сети каждого уровня взаимодействуют друг с другом и регулируют работу сетей других уровней. В качестве интеграторов выступают нейрогуморальные и метаболические сигналы, а также специальные генные сети – интеграторы. Горизонтальная интеграция – это интеграция генных сетей на одном уровне. Например, паракринный вариант интеграции сетей генов инсулина и глюкагона, регулирующих уровень глюкозы в крови [2].

В постгеномной информатике существует два основных типа интеграторов генных сетей. В первом случае таким интегратором может быть сама генная сеть. Например, генная сеть регуляции циркадного ритма, воспринимая соответствующие внешние сигналы, задает ритм большому количеству генных сетей: от регуляции метаболических процессов до клеточных циклов. Еще одним механизмом интеграции генных сетей могут выступать различные метаболиты (глюкоза, активные формы кислорода и др.) и нейрогуморальные сигналы (гормоны, факторы транскрипции (SF1)). Таким образом, интеграция генных сетей является важнейшим фактором, определяющим адаптивную реакцию всего организма и его систем жизнеобеспечения на внешние воздействия и, как следствие, развитие внешних фенотипических признаков, таких как количественные признаки продуктивности у сельскохозяйственных животных. Поэтому исследование полиморфных вариантов генов метаболического контроля, на наш взгляд, является перспективным направлением для поиска генетических маркеров повышенной продуктивности сельскохозяйственных животных.

За последние несколько десятилетий обнаружено значительное количество генов-кандидатов в генетических системах, полиморфизм которых играет решающую роль в изменчивости хозяйственно ценных признаков. Гены, контролирующие признаки мясной продуктивности, можно разделить на гены отдельных признаков, гены структурных белков мышечной ткани и гены, продукты которых можно рассматривать как системные регуляторы.

Так, гены белков постубойного протеолиза кодируют комплекс протеаз, осуществляющих постубойный протеолиз основных белков миофибрилл, обеспечивающих нежность мяса после убоя. Система таких протеаз кодируется генами кальпаина, активность которых, в свою очередь, подавляется кальпастатином (*CAST*). К генам, контролирующим формирование мышечной массы, относится ген миостатина (*bMSTN*). Системным регуляторным действием обладают белковые продукты генов диацилглицерол О-ацилтрансфераза (*bDGAT*), ген тиреоглобулина (*bTG*), ген лептина (*bLEP*). Группу генов-кандидатов, белковые продукты которых обладают гуморальным регуляторным действием, образуют ген гормона роста (*bGH*), ген гипофизарного фактора транскрипции (*bPit-1*), ген рецептора гормона роста (*bGHR*), ген инсулиноподобного фактора роста-1 (*bIGF-1*).

Цель работы – установить и охарактеризовать гены-кандидаты, маркирующие признаки мясной продуктивности у крупного рогатого скота казахской белоголовой породы.

В данной статье рассмотрен и обсуждается ген *HERC3* (HECT and RLD domain containing E3 ubiquitin protein ligase 3) – HECT и RLD домен, содержащий E3 убиквитин белок лигаза 3, идентифицированный как ген-кандидат среднесуточного прироста у крупного рогатого скота казахской белоголовой породы в результате полногеномного поиска ассоциаций.

Материалы и методы исследований. Объектом исследования явились 790 бычков казахской белоголовой породы (ТОО «Адлет-Т» (n=284), ТОО «Племзавод Алабота» (n=315), ТОО «Шалабай» (n=191)).

GWAS. Выделение геномной ДНК и генотипирование проводили в Neogen Agrigenomics, Lincoln, NE, USA, в соответствии с протоколом производителя GeneSeek GGP Bovine 150 K, который содержит 150 000 SNP (Neogen Corporation Company, Lincoln, NE, USA). Полученные данные обрабатывались программным обеспечением GenomeStudio и преобразовывались в формат Plink (.bed, .bim, .fam) согласно стандартным процедурам для такого исследования. Формат стандартных генотипов A/B был преобразован в нуклеотидный формат, соответствующий аллельным вариантам. Обработку контроля качества данных генотипа проводили с помощью Plink по следующим фильтрам: 1) частота вызовов по всем SNP для отдельной выборки не ниже 90%; 2) частота встречаемости каждого из исследованных SNP для всех генотипированных образцов не менее 90%; 3) частота минорного аллеля для каждого из исследованных SNP не ниже 5%; 4) отклонение генотипов SNP от распределения Харди-Вайнберга в наборе тестируемых образцов с р-значением 10^{-6}. В результате для дальнейшего анализа использовали 85 533 полиморфных сайта.

Ассоциативный поиск был выполнен с использованием Plink, набора инструментов для анализа ассоциаций всего генома, а именно расчет линейной регрессионной зависимости, а также коэффициентов детерминации. Значимость коэффициентов регрессии полиморфных сайтов оценивали с использованием теста Вальда. Потенциально значимыми считали сайты, р-значение которых было выше частного от деления уровня значимости (0,05) на количество полиморфных сайтов, р-значение теста Вальда которых было меньше 0,05. Оценку проведенного анализа ассоциаций проводили с использованием визуальной оценки квартиль-квартиль графиков, а также коэффициента λ [4-5].

Использованная однолокусная линейная модель в целом отражается формулой: $y = \sum mxbx$; где y – вектор с дерегрессионными предсказанными генотипами (Predicted transmitting abilities); m – представляет собой генотип-кандидат SNP (аллельная доза кодируется как 0, 1 или 2) для каждого животного; b – коэффициент регрессии SNP-кандидата. Для каждого кандидата применялся критерий Вальда для оценки альтернативной гипотезы $H1: b \neq 0$ по сравнению с нулевой гипотезой $H0: b = 0$.

Анализ геномной архитектуры живой массы на разных этапах онтогенеза и среднесуточного прироста проведен посредством баз данных Ensembl (<https://www.ensembl.org>), PANTHER pathway (<http://www.pantherdb.org>). Биологические процессы, контролируемые генами-кандидатами, и молекулярные функции их белковых продуктов охарактеризованы посредством баз данных Ensembl (<https://www.ensembl.org>), PANTHER pathway (<http://www.pantherdb.org>).

Результаты исследований. Всего в ходе исследования у казахской белоголовой породы было обнаружено 36 SNP высокой значимости ассоциации ($p \leq 0,0000001$) с ежесуточным приростом и 45 SNP с пограничным уровнем значимости ($p \leq 0,0000001$). Из 36 SNP высокой значимости 14 характеризовались отрицательным коэффициентом регрессии β в диапазоне от -0,022 до -0,016 и 22 с положительным β – в диапазоне от 0,0166 до 0,0291. Из 45 SNP с пограничным уровнем значимости 20 характеризуются отрицательным коэффициентом регрессии β в диапазоне от -0,015 до -0,017 и 25 с положительным β – в диапазоне от 0,015 до 0,032 [5]. Некоторые из обнаруженных нами SNP описаны также в работах других авторов.

Анализ геномной локализации 81 SNP высокой и пограничной значимости ассоциации со среднесуточным приростом позволил установить, что 66 SNP расположены в пределах 29 белок-кодирующих генов: MYOCD, MYO1E, SEMA6D, FRK, SKI, DNAJC24, IL2RA, STK4, HERC3, MARCHF3, SLC1A2, NUBPL, ST3GAL3, UBE2R2, DPP6, PWWP2A, OR7E200, CNOT2, MTMR9, SPAG17, AP1S3, BAR/IMD, ELP4, ADGRF2, BAALC, EDIL3, FAM13A, LDLRAD3, PDHX. При этом в пределах гена *HERC3* (ENSBTAG00000010120), локализованного на БТА 6, расположено 12 полиморфизмов: rs109478631, rs110212542, rs110377022, rs110749552, rs110775914, rs110865582, rs133492448, rs109563344, rs110254240, rs110493581 и rs110635021, ни один из которых не принадлежит транскрибируемому участку гена. Их характеристики приведены в таблице 1.

Таблица 1 – SNP гена *HERC3* высокой и пограничной значимости ассоциации со среднесуточным приростом у молодняка казахской белоголовой породы

| № | RS | β | P-value | Аллель 0/1 (минорный/мажорный) | Частота аллеля 0 | Частота аллеля 1 |
|----|-------------|---------|-----------|--------------------------------|------------------|------------------|
| 1 | rs109218410 | 0,018 | 1,301E-07 | T/C | 0,296±0,001 | 0,704±0,001 |
| 2 | rs109478631 | 0,0168 | 3,202E-07 | A/G | 0,361±0,001 | 0,639±0,001 |
| 3 | rs110212542 | 0,0178 | 5,955E-08 | G/T | 0,339±0,001 | 0,661±0,001 |
| 4 | rs110377022 | 0,0169 | 2,846E-07 | T/G | 0,354±0,001 | 0,646±0,001 |
| 5 | rs110749552 | 0,0166 | 3,963E-07 | G/A | 0,363±0,001 | 0,637±0,001 |
| 6 | rs110775914 | 0,0166 | 3,963E-07 | C/T | 0,362±0,001 | 0,638±0,001 |
| 7 | rs110865582 | 0,0189 | 9,803E-08 | T/C | 0,264±0,001 | 0,736±0,001 |
| 8 | rs133492448 | 0,0194 | 5,037E-08 | A/C | 0,262±0,001 | 0,738±0,001 |
| 9 | rs109563344 | 0,016 | 1,22E-06 | C/T | 0,332±0,001 | 0,668±0,001 |
| 10 | rs110254240 | 0,017 | 6,65E-07 | T/C | 0,315±0,001 | 0,685±0,001 |
| 11 | rs110493581 | 0,016 | 5,97E-07 | G/A | 0,356±0,001 | 0,644±0,001 |
| 12 | rs110635021 | 0,016 | 1,22E-06 | C/T | 0,334±0,001 | 0,666±0,001 |

Все 12 полиморфизмов локализованы в областях интронов и, как видно из таблицы 1, их ассоциация со среднесуточным приростом характеризовалась положительным значением коэффициента β , что позволяло предположить их повышающий фенотипический эффект на признак среднесуточного прироста. Ген *HERC3* кодирует белок убиквитин-протеинлигазу. Убиквитинлигазы явля-

ются частью системы убиквитинопосредованного распада белка в протеасомах. Известно, что протеасома расщепляет не любые белки, а только те, которые были «помечены» убиквитином. Убиквитинлигазы специфично узнают белки-субстраты и участвуют в их полиубиквитинировании (присоединении цепочек из молекул убиквитина), которое, в конечном счете, приводит к деградации последних в протеасомах. Кроме этого, убиквитинлигазы осуществляют и другие модификации белков убиквитином, такие как моноубиквитинирование и мультиубиквитинирование, которые имеют регуляторное значение.

Биологические процессы, контролируемые генами-кандидатами среднесуточного прироста в целом и геном **HERC3** в частности, отражены в таблице 2.

Таблица 2 – Биологические процессы, контролируемые генами, содержащими SNP высокой и пограничной значимости по признаку среднесуточного прироста

| Процессы | n | % | Гены |
|---------------------------|----|------|--|
| Межвидовое взаимодействие | 1 | 5,0 | <i>FRK</i> |
| Биологическая регуляция | 8 | 40,0 | <i>SEMA6D, MTMR9, SKI, BAIAP2L1, DNAJC24, CNOT2, STK4, FRK</i> |
| Клеточные процессы | 18 | 90,0 | <i>AP1S3, SEMA6D, MTMR9, SKI, BAIAP2L1, MYO1E, SPAG17, HERC3, CNOT2, MARCHF3, ST3GAL3, UBE2R2, ELP4, MYOCD, SLC1A2, STK4, FRK, NUBPL</i> |
| Развитие | 3 | 15,0 | <i>SEMA6D, MYOCD, FRK</i> |
| Рост | 1 | 5,0 | <i>SEMA6D</i> |
| Иммунитет | 1 | 5,0 | <i>FRK</i> |
| Локализация | 4 | 20,0 | <i>AP1S3, SEMA6D, SPAG17, SLC1A2</i> |
| Локомоция | 1 | 5,0 | <i>SEMA6D</i> |
| Метаболические процессы | 9 | 45,0 | <i>MTMR9, HERC3, MARCHF3, ST3GAL3, UBE2R2, ELP4, STK4, NUBPL, CNOT2</i> |
| Мультиклеточные процессы | 2 | 10,0 | <i>SEMA6D, MYOCD</i> |
| Ответ на стимуляцию | 5 | 25,0 | <i>SEMA6D, SKI, STK4, FRK, IL2RA</i> |
| Сигналинг | 4 | 20,0 | <i>SEMA6D, SKI, STK4, FRK</i> |

Примечание. Так как один ген и его белок может участвовать в нескольких процессах, то $\Sigma\% \neq 100$.

Как видно из таблицы 2, большая часть генов-кандидатов, маркирующих среднесуточный прирост, участвует в клеточных и метаболических процессах. Под **клеточными процессами по классификатору PANTHER pathway** понимается любой процесс, осуществляемый на клеточном уровне, но не обязательно ограниченный одной клеткой. Например, сотовая связь происходит между более чем одной ячейкой, но происходит на клеточном уровне. Под **метаболическими процессами** - химические реакции и пути, включая анаболизм и катаболизм, с помощью которых живые организмы преобразуют химические вещества. Метаболические процессы обычно трансформируют небольшие молекулы, но также включают макромолекулярные процессы, такие как репарация и репликация ДНК, а также синтез и деградация белка.

Для 16 генов-кандидатов идентифицированы молекулярные функции белкового продукта. Их распределение отражено в таблице 3.

Таблица 3 – Молекулярные функции белковых продуктов генов-кандидатов по признаку среднесуточного привеса у казахской белоголовой породы

| Функция | n | % | Гены |
|-------------------------------------|---|------|--|
| АТФ-зависимая активность | 1 | 5,9 | <i>MYO1E</i> |
| Связывание | 8 | 47,1 | <i>NUBPL, FRK, PWWP2A, MYO1E, DNAJC24, SKI, SEMA6D, IL2RA</i> |
| Катализ | 8 | 47,1 | <i>FRK, STK4, UBE2R2, ST3GAL3, MARCHF3, HERC3, MYO1E, DPP6</i> |
| Двигательная активность цитоскелета | 1 | 5,9 | <i>MYO1E</i> |
| Регуляция функций молекул | 2 | 11,8 | <i>SEMA6D, DNAJC24</i> |
| Преобразование молекул | 2 | 11,8 | <i>SEMA6D, OR7E200</i> |
| Регуляция транскрипции | 1 | 5,9 | <i>SKI</i> |
| Транспорт | 1 | 5,9 | <i>SLC1A2</i> |

Как видно из таблицы 3, подавляющая часть генов-кандидатов, маркирующих среднесуточный прирост, кодирует белки, выполняющие функцию связывания и катализа.

Под функцией связывания по классификатору PANTHER pathway понимается избирательное, нековалентное, часто стехиометрическое взаимодействие молекулы с одним или несколькими специфическими участками другой молекулы. Под функцией катализа – взаимодействие с субстратом макромолекулярных веществ, известных как ферменты. Ферменты обладают специфическими сайтами связывания субстратов и обычно полностью или в значительной степени состоят из белка, но РНК, обладающая каталитической активностью (рибозим), часто также считается ферментативной.

Таким образом, убиквитинпротеинлигазы, кодируемые полиморфными вариантами гена **HERC3**, опосредуя распад белка в протеасомах, модифицируют метаболизм животного, что отражается на темпах роста.

Ген **HERC3** (ген домена HECT и RLD, содержащий убиквитин-протеинлигазу 3 E3), представлен сразу 10 альтернативно сплайсированными вариантами транскриптов, кодирующими несколько изоформ полиморфных вариантов [6]. Кодируемый белок находится в цитозоле и осуществляет ковалентное присоединение убиквитина к белкам («убиквитинирование»), участвуя, таким образом, в контроле многих, если не всех, эукариотических процессов, что указывает на то, что распознавание белков системой убиквитин-конъюгации должно быть высокоспецифичным и регулируемым процессом [7]. Множеством альтернативно сплайсированных вариантов гена, вероятно, объясняется большое количество полиморфизмов, идентифицированных нами как ассоциированные со среднесуточным приростом, и то, что сразу несколько из них описаны другими авторами. Так, rs110377022/**HERC3** описан Kiser J.N. и соавторами как ассоциированный с коэффициентом зачатия и возрастом первого отела у голштинского скота [8], rs110749552/**HERC3**, по данным Ilie D.E. и соавторов, ассоциирован с соматическими клетками у румынского молочного скота [9], rs109218410/**HERC3** описан Moore, S. и соавторами как ассоциированный с живой массой при рождении у помесей мясного скота ангусской, герефордской, симментальской, лимузинской, шароле, гельбвийской, красной ангусской, пинцгауэрской и красноголовой фоновой пород [10].

Заключение. В заключение необходимо отметить, что в целом белковые продукты генов-кандидатов, ассоциированных со среднесуточным приростом у молодняка казахской белоголовой породы, большей частью участвуют в процессах биологической регуляции и в клеточных процессах, выполняя при этом функции связывания и катализа.

Полученные данные позволяют предположить, что большое количество ассоциированных со среднесуточным приростом SNP гена **HERC3** может быть обусловлено не только высокой степенью полиморфизма самого гена, но и его ролью в метаболизме крупного рогатого скота. Тем более, что ассоциация некоторых его полиморфных вариантов, описанных в нашем исследовании, ассоциирована с другими признаками продуктивности у крупного рогатого скота других пород.

Таким образом, поиск генетических маркеров количественных признаков целесообразно проводить не только среди генов, структурных белков и генов регуляторного действия, но также среди генов с ферментативной активностью белка, транслируемых во всех тканях организма.

Conclusion. In conclusion, it should be noted that in general, the protein products of candidate genes associated with average daily gain in young stock of the Kazakh White-headed breed are mostly involved in the processes of biological regulation and in cellular processes, performing the functions of binding and catalysis.

The obtained data suggest that a large number of SNPs of the **HERC3** gene associated with an average daily increase may be due not only to the high degree of polymorphism of the gene itself, but also to its role in the metabolism of cattle. Moreover, the association of some of its polymorphic variants described in our study is associated with other signs of productivity in cattle of other breeds.

Thus, it is expedient to search for genetic markers of quantitative traits not only among genes, structural proteins and genes of regulatory action, but also among genes with enzymatic protein activity, translated in all tissues of the body.

Благодарности. Работа выполнена в рамках проекта грантового финансирования молодых ученых Министерства образования и науки Республики Казахстан на 2020-2022 гг «Породоспецифичное QTL-маркирование мясной продуктивности крупного рогатого скота аулиекольской и казахской белоголовой породы на основе полногеномного SNP-чипирования» ИРН AP08052960, № государственной регистрации 0120PK00043, а также научно-технической программы программно-целевого финансирования Министерства сельского хозяйства Республики Казахстан на 2021-2023 гг. «Разработка технологий эффективного управления селекционным процессом сохранения и совершенствования генетических ресурсов в мясном скотоводстве» ИРН BR10764981, № государственной регистрации 0121PK00759.

Список литературы. 1. Селионова, М. И. Полиморфизм генов мясной продуктивности в селекции крупного рогатого скота / М. И. Селионова, Л. Н. Чижова, Е. С. Суржикова // Цифровые технологии в сель-

ском хозяйстве: текущее состояние и перспективы развития : сборник научных трудов по материалам I Международной научно-практической конференции. – Ставрополь : Издательство "АГРУС", 2018. – С. 223-229. 2. Баранов, В.С. Генетический паспорт — основа индивидуальной и предиктивной медицины / В. С. Баранов. – Санкт-Петербург : Эко-Вектор, 2009. – 528 с. 3. Enhancer Variants Synergistically Drive Dysfunction of a Gene Regulatory Network In Hirschsprung Disease / S. Chatterjee [et al.] // *Cell*. – 2016. – Vol. 167(2). – P. 355-368. 4. PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses / S.M. Purcell [et al.] // *American Journal of Human Genetics*. – 2007. – Vol. 81(3). – P.559-575. 5. Белая, Е. В. Полногеномный поиск ассоциаций с QTL мясной продуктивности у скота казахской белоголовой и аулиекольской пород / Е. В. Белая, А. М. Наметов, А. С. Шамшидин // *Главный зоотехник*. – 2022. – № 7 (222). – С. 3-11. 6. The human HERC family of ubiquitin ligases: novel members, genomic organization, expression profiling, and evolutionary aspects / K. Hochrainer [et al.] // *Genomics*. – 2005. – Vol.85(2). – P. 153-164. 7. Varshavsky, A. The ubiquitin system, an immense realm / A. Varshavsky // *Annu. Rev. Biochem.* – 2012. – Vol. 81. – P. 167-176. 8. Kiser, J. N. Validation of 46 loci associated with female fertility traits in cattle / J. N. Kiser [et al.] // *BMC genomics*. – 2019. – Vol. 20(1). – P. 576-592. 9. Genome-Wide Association Studies for Milk Somatic Cell Score in Romanian Dairy Cattle / D. E. Ilie [et al.] // *Genes*. – 2021. – Vol. 12(10). – P. 1495.-1511. 10. Fine mapping of quantitative trait loci and assessment of positional candidate genes for backfat on bovine chromosome 14 in a commercial line of *Bos Taurus* / S. Moore [et al.] // *Journal of Animal Science*. – 2004. – Vol. 81. – P. 1919-1925.

References. 1. Selionova, M. I. Polimorfizm genov myasnoj produktivnosti v selekcii krupnogo rogatogo skota / M. I. Selionova, L. N. Chizhova, E. S. Surzhikova // *Cifrovye tekhnologii v sel'skom hozyajstve: tekushchee sostoyanie i perspektivy razvitiya : sbornik nauchnyh trudov po materialam I Mezhdunarodnoj nauchno-prakticheskoy konferencii. – Stavropol' : Izdatel'stvo "AGRUS", 2018. – S. 223-229. 2. Baranov, V.S. Geneticheskij pasport — osnova individual'noj i prediktivnoj mediciny / V. S. Baranov. – Sankt-Peterburg : Eko-Vektor, 2009. – 528 s. 3. Enhancer Variants Synergistically Drive Dysfunction of a Gene Regulatory Network In Hirschsprung Disease / S. Chatterjee [et al.] // *Cell*. – 2016. – Vol. 167(2). – P. 355-368. 4. PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses / S.M. Purcell [et al.] // *American Journal of Human Genetics*. – 2007. – Vol. 81(3). – P.559-575. 5. Belaya, E. V. Polnogenomnyj poisk asociacij s QTL myasnoj produktivnosti u skota kazahskoj belogolovoj i auliekol'skoj porod / E. V. Belaya, A. M. Nametov, A. S. SHamshidin // *Glavnyj zootekhnik*. – 2022. – № 7 (222). – S. 3-11. 6. The human HERC family of ubiquitin ligases: novel members, genomic organization, expression profiling, and evolutionary aspects / K. Hochrainer [et al.] // *Genomics*. – 2005. – Vol.85(2). – P. 153-164. 7. Varshavsky, A. The ubiquitin system, an immense realm / A. Varshavsky // *Annu. Rev. Biochem.* – 2012. – Vol. 81. – P. 167-176. 8. Kiser, J. N. Validation of 46 loci associated with female fertility traits in cattle / J. N. Kiser [et al.] // *BMC genomics*. – 2019. – Vol. 20(1). – P. 576-592. 9. Genome-Wide Association Studies for Milk Somatic Cell Score in Romanian Dairy Cattle / D. E. Ilie [et al.] // *Genes*. – 2021. – Vol. 12(10). – P. 1495.-1511. 10. Fine mapping of quantitative trait loci and assessment of positional candidate genes for backfat on bovine chromosome 14 in a commercial line of *Bos Taurus* / S. Moore [et al.] // *Journal of Animal Science*. – 2004. – Vol. 81. – P. 1919-1925.*

Поступила в редакцию 08.06.2023.

DOI 10.52368/2078-0109-2023-48-53
УДК 636.32/.38.082.2(476)

ЗООТЕХНИЧЕСКАЯ ОЦЕНКА ПРОДУКТИВНОСТИ ОВЕЦ ПОЛУТОНКОРУННЫХ ПОРОД БЕЛОРУССКОЙ СЕЛЕКЦИИ

Грекова И.Е. ORCID ID 0000-0002-0971-2552, Рудак А.Н. ORCID ID 0000-0002-1110-7183
РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству»,
г. Жодино, Республика Беларусь

Для обеспечения развития овцеводства с целью получения качественной конкурентоспособной продукции необходимо, чтобы племенные овцы полутонкорунных пород соответствовали современным требованиям, были устойчивы к специфическим условиям разведения и содержания в овцеводческих предприятиях различных форм собственности и ведомственной подчиненности. В статье представлены материалы исследований, направленных на усовершенствование зоотехнических правил оценки овец полутонкорунных пород белорусской селекции. В рамках работы проведена сравнительная оценка экстерьерно-конституционального развития производящего состава овец, получены данные линейно-ростовых промеров и живой массы. В результате проведенных исследований установлены минимальные требования к показателям продуктивности овец полутонкорунных пород белорусской селекции и усовершенствованы зоотехнические правила их оценки. **Ключевые слова:** полутонкорунные породы, бараны-производители, овцематки, селекция, конституция, экстерьер, промеры.