



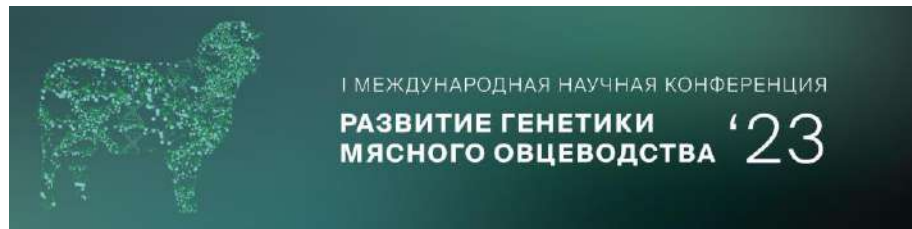
ФЕДЕРАЛЬНЫЙ ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ЦЕНТР ЖИВОТНОВОДСТВА –
ВИЖ ИМЕНИ АКАДЕМИКА Л.К. ЭРНСТА

ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста

Применение генных и геномных технологий для повышения эффективности российского овцеводства

Денискова Татьяна Евгеньевна

Кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник,
Руководитель группы генетики и геномики мелкого рогатого скота



г. Кисловодск, 26-27 октября 2023 г.

Геномные исследования пород овец, разводимых в России

Deniskova et al. *Genet Sel Evol* (2016) 38:26
<http://dx.doi.org/10.1186/s12711-016-0295-5>



RESEARCH ARTICLE

Open Access

Population structure and genetic diversity of 25 Russian sheep breeds based on whole-genome genotyping

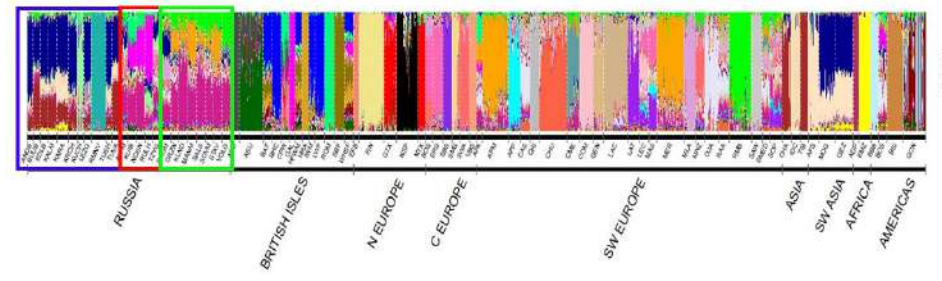
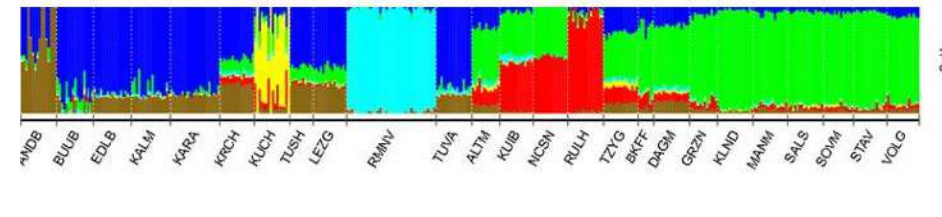
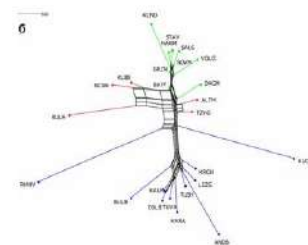
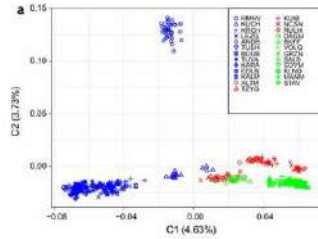
Tatiana E. Deniskova^{1*}, Arsen V. Dotsev¹, Marina I. Selionova², Elisabeth Kunz², Ivica Medugovac², Henry Rieger³, Klaus Wimmers⁴, Mario Barbat⁵, Alexei A. Tsapov¹, Gottfried Brem^{1,3} and Natalia A. Zinovieva^{1*}

Abstract

Background: Russia has a diverse variety of native and locally developed sheep breeds with coarse, fine, and semi-fine wools, which inhabit different climate zones and landscapes that range from tundra to harsh northern areas. To date, no genome-wide information has been used to investigate the history and genetic characteristics of the extant local Russian sheep populations. To infer the population structure and genome-wide diversity of Russian sheep, 25 local breeds were genotyped with the OvisAR250kSeqChip. Furthermore, to evaluate admixture contributions from foreign breeds in Russian sheep, a set of 58 worldwide breeds from publicly available genotypes was added to our data.

Results: We recorded similar observed heterozygosity (0.854–0.993) and allelic richness (1,809–1,933) levels across the analyzed breeds and they are comparable with those observed in the worldwide breeds. Recent effective population sizes estimated from linkage disequilibrium five generations ago ranged from 65 to 543. Multi-dimensional scaling, admixture, and neighbor-net analysis consistently identified a two-step subdivision of the Russian local sheep breeds. A first split clustered the Russian sheep populations according to their wool type (fine wool, semi-fine wool and coarse wool). The Dagestan Mountain and Sakhalin fine-fleeced breeds differ from the other Merino-derived local breeds. The semi-fine wool cluster combined a breed of Romanian origin, Tajgal, with its derivative Altai Mountain, the two Romney-introgressed breeds Kulybays and Marsh Caucasian, and the Lincoln-introgressed Russian long-tailed breed. The coarse-wool group comprised the Nordic short-tailed Romanov, the long-fleeced outlier Kachugur and two clusters of fat-tailed sheep: the Caucasian Mountain breeds and the Buabai, Karakul, Edilbai, Katmyk and Tova breeds. The Russian fat-tailed breeds shared co-ancestry with sheep from China and Southwestern Asia (Iran).

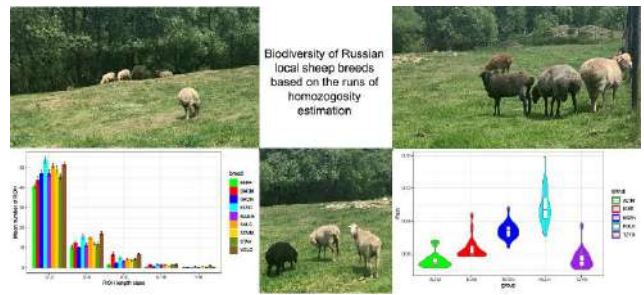
Conclusions: In this study, we derived the genetic characteristics of the major Russian local sheep breeds, which are moderately diverse and have a strong population structure. Pooling our data with a worldwide genotyping set gave deeper insight into the history and origin of the Russian sheep populations.



Biodiversity of Russian Local Sheep Breeds Based on Pattern of Runs of Homozygosity †

Tatiana Deniskova^{1,4*}, Arsen Dotsev^{1,4}, Marina Selionova², Gottfried Brem^{1,3} and Natalia Zinovieva^{1,4}

- L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry, Dabrovitsy, Podolsk Municipal District, Moscow Region, 142132 Podolsk, Russia; a.deniskova@yandex.ru (A.D.); gottfried.brem@vetmeduni.ac.at (G.B.); n.zinovieva@elmir.ru (N.Z.)
 - Russian State Agrarian University—Moscow Timiryazev Agricultural Academy, 127550 Moscow, Russia; m.selion@mail.ru
 - Institute of Animal Breeding and Genetics, University of Veterinary Medicine, 1210 Vienna, Austria
 - Correspondence: deniskova@yandex.ru
- † This paper is an extended version of the paper published in the 1st International Electronic Conference on Biological Diversity, Ecology, and Evolution (IBDEE 2021), Online, 15–31 March 2021.

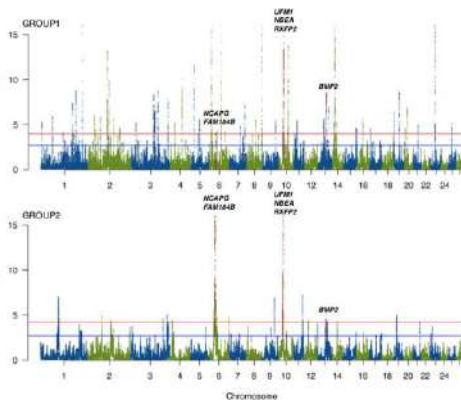


Vuchetich et al. *BMC Genomics* (2016) 17:655
<http://dx.doi.org/10.1186/s12864-016-0537-0>

BMC Genomics

High-density genotyping reveals signatures of selection related to acclimation and economically important traits in 15 local sheep breeds from Russia

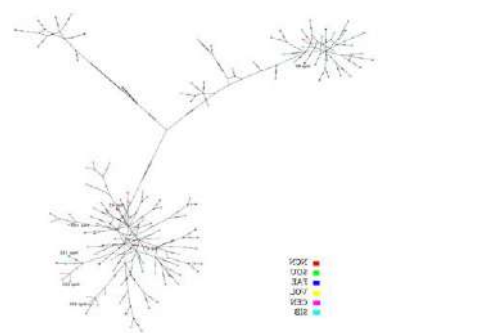
Andrey A. Vuchetich¹, Tatiana E. Deniskova¹, Nikolay S. Yudin¹, Arsen V. Dotsev¹, Timur N. Khammetov¹, Marina I. Selionova², Sergey V. Egipov³, Henry Rieger⁴, Klaus Wimmers⁴, Gottfried Brem¹, Natalia A. Zinovieva¹ and Denis M. Lokshin^{5*}



Phylogenetic Analysis of Russian Native Sheep Breeds Based on mtDNA Sequences

Olga Koshkina^{1,4}, Tatiana Deniskova^{1,4*}, Arsen Dotsev^{1,4}, Elisabeth Kunz², Marina Selionova^{2,4}, Ivica Medugovac² and Natalia Zinovieva^{1,4}

- L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry, Dabrovitsy 60, Podolsk Municipal District, Moscow 142132, Russia; o.koshka1808@elmir.ru (O.K.); a.deniskova@mail.ru (A.D.); n.zinovieva@elmir.ru (N.Z.)
- Population Genomics Group, Department of Veterinary Sciences, Ludwig-Maximilians-University Munich, 82152 Munich, Germany; elisabeth.kunz@lign.vetmed.uni-muenchen.de (E.K.); ivica.medugovac@lign.vetmed.uni-muenchen.de (I.M.)
- Timiryazev Agricultural Academy, Russian State Agrarian University, Moscow, Timiryazevskaya Street, 41, Moscow 127550, Russia; m_selion@mail.ru
- Correspondence: deniskova@yandex.ru

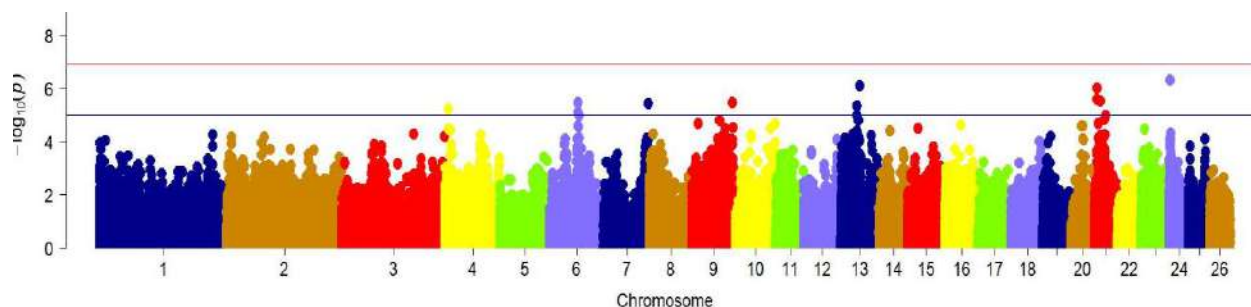


Применение генных и геномных технологий для повышения эффективности российского овцеводства

1. Использование известных ДНК-маркеров в маркерной селекции
2. Картирование QTL и поиск новых потенциальных генов-кандидатов, ассоциированных с экономически-значимыми признаками животных
3. Разведение генетически устойчивых животных



Кроссбредные популяции овец – как информативный подход к картированию QTL и поиску генов-кандидатов



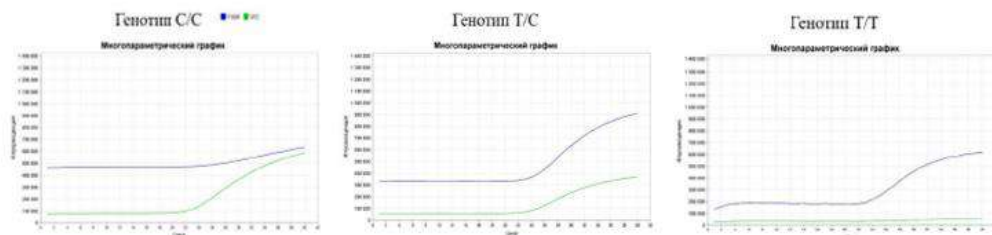
ХР	Признаки	Гены	Функции
2	Ширина в маклоках	<i>GALNTL6</i>	Кандидат признаков, связанных с ростом
	Длина корпуса	<i>XIRP2</i>	
	Ширина в маклоках	<i>IGFBP2</i>	Ось GH/IGF -1 (роста и развития организма)
	Длина корпуса		
3	Ширина в маклоках	<i>FGD3</i>	Рост скелета и хрящей
	Длина корпуса		
3	Ширина в маклоках	<i>BCL2L11</i>	Кандидат признаков роста и размеров туловища у овец
4	Глубина груди	<i>CDK14</i>	Вовлечен в процессы миогенеза
		<i>CDK6</i>	Рост и развитие ягнят до отъема
6	Высота в холке	<i>FRYL</i>	Рост и размер туловища у бройлеров
13	Обхват пясти	<i>PTPRT</i>	Размер туловища у овец
16	Высота в холке	<i>PDE4D</i>	Ассоциирован с показателями роста ягнят
	Ширина груди	<i>GPX8</i>	Ген-кандидат, ассоциированный с ростом
		<i>GHR</i>	Ген-кандидат, ассоциированный с ростом
		<i>CTNND2</i>	Окружность груди

Применение полученных результатов в прикладном аспекте (первый этап)

Многопараметрические графики и частоты встречаемости различных аллельных вариантов гена *DGKH*

Частота встречаемости аллелей и генотипов

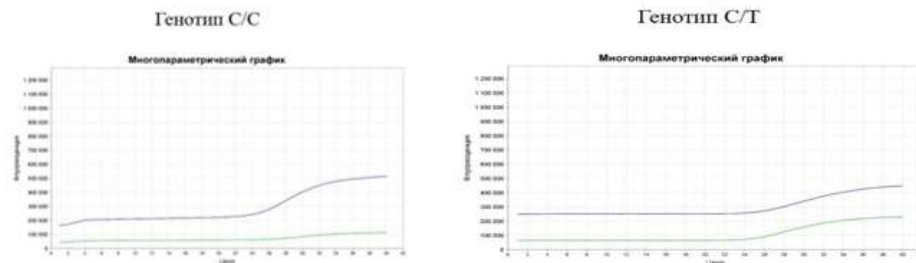
Частота аллелей, %		Частота генотипов					
T	C	T/T		T/C		C/C	
		n	%	n	%	n	%
43,9	56,1	24	16,3	81	55,1	42	28,6



Многопараметрические графики и частоты встречаемости различных аллельных вариантов гена *PPP1R1C*

Частота встречаемости аллелей и генотипов

Частота аллелей, %		Частота генотипов					
T	C	T/T		C/T		C/C	
		n	%	n	%	n	%
19,4	80,6	0	-	57	38,8	90	61,2



Южная мясная порода
(n=147)

Скрепи – опасный скрытый враг овцеводства

Возбудитель

- Патогенный прион (или прионовый белок) – возбудитель TSE инфекций.

Течение болезни

- Медленное. Инкубационный период может составлять от 1 года до 4 лет.

Клиника

- Признаки возникают на последних стадиях болезни: кожный зуд, возбудимость, мышечный тремор, параличи, истощение, выпадение шерсти.

Прогноз

- Летальность 100%. В случае обнаружения больного животного стадо подлежит уничтожению.

Диагноз и лечение

- Прижизненная диагностика затруднена или невозможна.
- Классически диагноз ставится на основе патогистологического исследования мозга.
- Отсутствует (как и вакцины) так как нет реакции иммунитета и из-за специфичности накопления патогенного приона.



Безопасны ли продукты от больных овец для человека и других животных?

Прионные болезни передаются от одного вида к другому (на примере нового варианта БКЯ, vBSE). Сообщалось о случаях передачи от лосей и оленей человеку. (Benestad et al., 2016; Barria MA, 2011).

Генодиагностика - единственный способ профилактики и борьбы со скрепи

Классическая форма скрепи

Информативные кодоны:
136(A/V), 154(R/H)
171(R/Q/H/K)

Аллель $A_{136}R_{154}R_{171}$ - устойчивость
Аллель $V_{136}R_{154}Q_{171}$ - восприимчивость

Атипичная форма (Nor98) скрепи

Информативный кодон: 141
F-чувствительность
L-резистентность

Классы генетической устойчивости к классической форме скрепи

Классы	PrP генотип	Сокращение	Цели селекции
G1	ARR/ARR	ARR/ARR	Резистентные, использовать для разведения
G2	ARR/AHQ	ARR/XXX	Наличие ARR-аллеля позволяет использовать в разведении.
	ARR/ARH		
	ARR/ARQ		
G3	AHQ/AHQ	XXX/XXX	Вследствие отсутствия ARR-аллеля нежелательно использовать для разведения.
	AHQ/ARH		
	AHQ/ARQ		
	ARH/ARH		
	ARH/ARQ		
G4	ARR/VRQ	ARR/VRQ	Для сохранения редких пород допускается использование в разведении при индивидуальном подборе родительских пар.
G5	VRQ/ARH	VRQ/XXX VRQ/VRQ	Наличие наиболее чувствительного к скрепи аллеля VRQ не допускает использование животных для дальнейшего разведения.
	VRQ/AHQ		
	VRQ/ARQ		
	VRQ/VRQ		

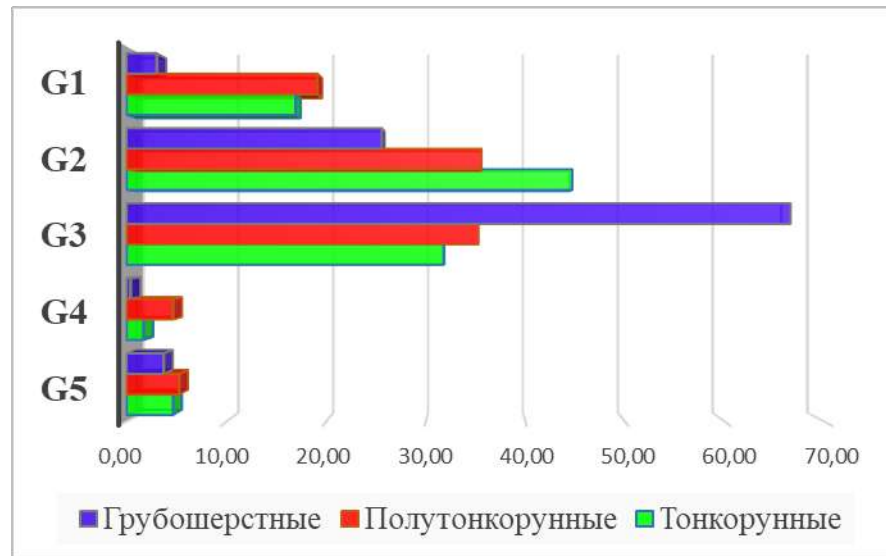
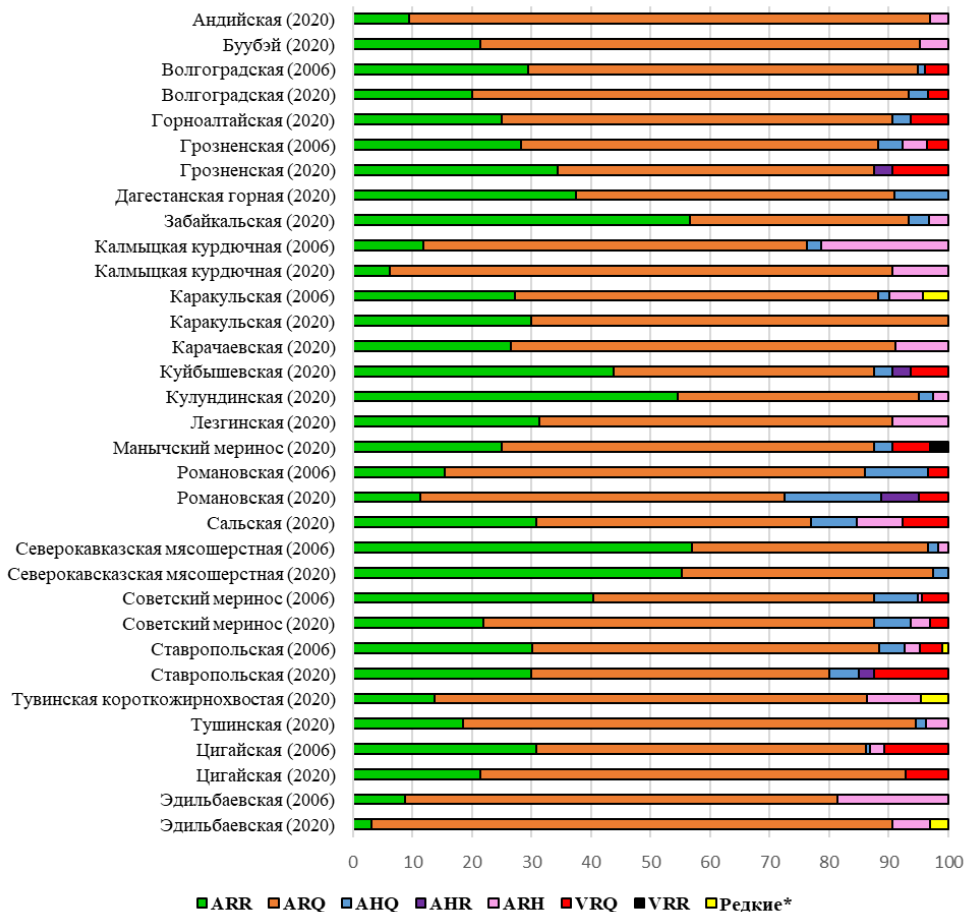
Устойчивость к одной форме скрепи не гарантирует устойчивость к другой

Литература по теме:

Денискова Т.Е., Кошкина О.А., Гладырь Е.А., Позябин С.В., Зиновьева Н.А. ДНК-диагностика устойчивости овец к скрепи. Методическое руководство // Дубровицы: ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста, 2023 г., 49 с.

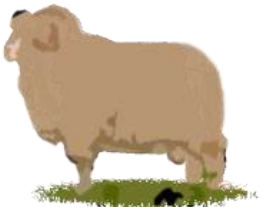
Частота встречаемости аллелей и классов устойчивости к скрепи

Классы устойчивости к классической форме скрепи



Устойчивость к атипичной форме скрепи (Nor98)

Породы	Количество голов с неустойчивым генотипом к Nor98	Класс устойчивости к классической форме скрепи
Калмыцкая	1	G3
Кулундинская	1	G3
Ставропольская	3	G2 (n=2), G5
Маньчский меринос	1	G2, G3
Северокавказская	2	G3
Карачаевская	1	G3
Эдильбаевская	2	G3



Научный коллектив

- **Денискова Т.Е.** – к.б.н., в.н.с., рук. группы генетики и геномики мелкого рогатого скота
- **Доцев А.В.** – к.б.н., в.н.с., рук. лаб. эволюционной и популяционной геномики животных
- **Петров С.Н.** – к.б.н., с.н.с. лаб. эволюционной и популяционной геномики животных
- **Сермягин А. А.** – к.с.-х.н., в.н.с., зав. отделом популяционной генетики и генетических основ разведения животных
- **Кошкина О.А.** – м.н.с. группы генетики геномики мелкого рогатого скота
- **Соловьева А.Д.** – м.н.с. группы генетики геномики мелкого рогатого скота
- **Зиновьева Н.А.**, д.б.н., профессор, академик РАН, директор ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста





Благодарю за внимание!

Исследования выполнены при поддержке Министерства науки и высшего образования РФ (FGGN-2022-0002).

При проведении исследований использовано оборудование ЦКП «Биоресурсы и биоинженерия сельскохозяйственных животных» ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста