

Universität  
Rostock



Traditio et Innovatio

From the Institute of Genome Biology  
Research Institute for farm animal biology (FBN) in Dummerstorf  
and Professor of animal breeding and genetics  
Faculty of Agricultural and Environmental Sciences

Summary of the cumulative Dissertation

**Studying Some Genes Affecting Growth Traits and Milk Production  
in Egyptian Barki Sheep Breed**

to obtain of the academic degree  
Doctor of Agriculture (doctor agriculture)

at the Faculty of Agricultural and Environmental Sciences  
at the University of Rostock

submitted by M.Sc. Ibrahim Abousoliman  
from Sharkia, Egypt

defence on 28. January 2022

## Summary

Barki sheep breed is one of the main breeds in Egypt. It is well adapted to the challenging desert environment, characterized by feed shortage and a high temperature fluctuation. Growth performance of Barki sheep has an important economic value in terms of mutton meat production in Egypt. Further, milk production is of great importance for feeding newborn lambs. In this thesis, analyses were conducted to study the genetic potential for improving growth traits such as birth weight, weaning weight and average daily gain in Barki sheep lambs and milk performance traits such as milk yield and milk composition in Barki sheep ewes. The first study focused on investigating the association between genetic polymorphisms of some candidate genes and the phenotypic data of growth and milk performance traits. The results revealed a significant association between a polymorphism of *LEP* gene and weaning weight and average daily gain in Barki lambs. Results also concluded a significant association between polymorphisms in *LEP* with milk yield and milk fat percentage, *STAT5A* with milk lactose percentage, *PRL* with milk yield, and *GHRHR* with milk total solids percentage. In the second and third study, a genome-wide SNP panel was applied to identify genomic regions and candidate genes, which differentiate between low and high performing groups in terms of growth and milk traits. Results of the second study revealed genomic regions covering some promising functional candidate genes for growth traits such as *EYA2*, *GDF2*, *GDF10*, *MEF2B*, *SLC16A7*, *TBX15*, *TFAP2B*, *TNNC2*, *LRIG3* and *CPXM2*. In the third study detected genomic regions harboring some candidates like *SLC5A8*, *NUB1*, *TBC1D1*, *KLF3* and *ABHD5* for milk yield and *PPARA* and *FBLN1* for milk quality trait. The current results and their further exploitation represent an important contribution towards improving quantitative traits in the Egyptian Barki sheep breed.

## Zusammenfassung

Das Barki-Schaf ist eine der wichtigsten Schafrassen in Ägypten und ist gut an die aride Umgebung angepasst, die durch Nahrungsmangel und hohe Temperaturschwankungen gekennzeichnet ist. Die Wachstumsrate der Barki-Schafe ist für die ägyptische Schaffleischerzeugung von großer wirtschaftlicher Bedeutung. Außerdem ist die Milchproduktion von großer Relevanz für die Aufzucht und Fütterung von neugeborenen Lämmern. In dieser Arbeit wurden Analysen durchgeführt, um das Potenzial zur Verbesserung von Wachstumsmerkmalen wie Geburtsgewicht, Absetzgewicht und durchschnittlicher Tageszunahme bei Lämmern der Barki-Rasse und Milchmerkmalen wie Milchleistung und Milchezusammensetzung bei Mutterschafen zu untersuchen. Die erste Studie konzentrierte sich auf die Untersuchung der Assoziation zwischen genetischen Polymorphismen einiger Kandidatengene und den phänotypischen Daten von Wachstums- und Milchleistungsmerkmalen. Die Analyseergebnisse zeigten einen signifikanten Zusammenhang zwischen einem Polymorphismus im *LEP* Gen und dem Absetzgewicht sowie der durchschnittlichen Tageszunahme bei Lämmern. Des Weiteren zeigten sich signifikante Zusammenhänge zwischen den untersuchten Polymorphismen im *LEP*-Gen mit der Milchleistung und dem Milchfettanteil, dem *STAT5A*-Gen mit dem Milchlaktoseanteil, dem *PRL*-Gen mit der Milchleistung und dem *GHRHR*-Gen mit dem Gesamtfeststoffgehalt der Milch. Die zweite und dritte Studie konzentrierte sich auf die Verwendung von genomweiten SNP-Daten, um genomische Regionen und Kandidatengene zu identifizieren, die zwischen Gruppen mit geringer und hoher Leistung in Bezug auf Wachstum und Milchmerkmale differenzieren. Die Ergebnisse der zweiten Studie zeigten auf genomische Regionen, die einige vielversprechende funktionelle Kandidatengene für Wachstumsmerkmale wie *EYA2*, *GDF2*, *GDF10*, *MEF2B*, *SLC16A7*, *TBX15*, *TFAP2B*, *TNNC2*, *LRIG3* und *CPXM2* abdecken. In der dritten Studie wurden genomische Regionen identifiziert, die einige Kandidaten wie *SLC5A8*, *NUB1*, *TBC1D1*, *KLF3* und *ABHD5* für die Milchleistung und *PPARA* und *FBLN1* für die Milchqualitätseigenschaft umfassen. Die aktuellen Ergebnisse und ihre weiterführende Bearbeitung stellen einen wichtigen Beitrag zur Verbesserung der quantitativen Merkmale beim ägyptischen Barki-Schaf dar.