

ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ НАУЧНОЕ
УЧРЕЖДЕНИЕ «СЕВЕРО-КАВКАЗСКИЙ ФЕДЕРАЛЬНЫЙ НАУЧНЫЙ
АГРАРНЫЙ ЦЕНТР»

На правах рукописи

ФОМИНОВА ИРИНА ОЛЕГОВНА

**Особенности формирования мясной продуктивности
мясо-шерстных овец в зависимости от полиморфизма
генов соматотропина и кальпастина**

Специальность

06.02.07 – Разведение, селекция и генетика сельскохозяйственных животных

Диссертация на соискание ученой степени

кандидата биологических наук

Научный руководитель:
доктор биологических наук, доцент
Скорых Лариса Николаевна

Ставрополь – 2022

СОДЕРЖАНИЕ

ВВЕДЕНИЕ.....	4
ОСНОВНАЯ ЧАСТЬ.....	12
1. ОБЗОР ЛИТЕРАТУРЫ.....	12
1.1 Необходимость развития мясного овцеводства в Российской Федерации.....	12
1.1.1 Пути повышения мясной продуктивности овец.....	17
1.2 Молекулярная генетика в животноводстве.....	23
1.2.1 Использование молекулярно-генетических маркеров в овцеводстве.....	33
2. МАТЕРИАЛ И МЕТОДИКА ИССЛЕДОВАНИЙ	44
2.1 Природно-климатические условия локализации исследуемых животных	44
2.2 Методика генотипирования	48
2.3 Методика гематологических и биохимических исследований	50
2.4 Генетико-статистический анализ.....	51
2.5 Продуктивные показатели и методы их исследования.....	52
3. РЕЗУЛЬТАТЫ ИССЛЕДОВАНИЙ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ.....	55
3.1 Полиморфизм генов <i>GH</i> и <i>CAST</i> у мясо-шерстных овец.....	56
3.1.1 Показатели генетической структуры исследуемой популяции	58
3.2 Особенности роста и развития молодняка овец с различными генотипами генов <i>GH</i> и <i>CAST</i>	61
3.2.1 Динамика роста мясо-шерстных овец.....	61
3.2.2 Экстерьерные особенности	65
3.3 Ассоциация полиморфизма генов <i>GH</i> и <i>CAST</i> с количественно-качественными показателями мясной продуктивности мясо-шерстных овец.....	69
3.3.1 Убойные показатели, морфологический и сортовой состав мышечной ткани	69

3.3.2	Морфологические показатели внутренних органов	74
3.3.3	Химический и аминокислотный состав мышечной ткани.....	77
3.3.4	Микроструктурный анализ мышечной ткани	82
3.4	Морфологический и биохимический состав крови овец с различными генотипами генов <i>GH</i> и <i>CAST</i>	86
3.4.1	Морфологический состав крови исследуемых животных.....	86
3.4.2	Неспецифическая резистентность у исследуемых овец.....	96
3.4.3	Особенности белкового обмена	98
3.5	Экономическая оценка результатов исследований	102
4.	ЗАКЛЮЧЕНИЕ.....	104
	СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННОЙ ЛИТЕРАТУРЫ.....	108

ВВЕДЕНИЕ

Актуальность темы исследования. Повышение производительности и эффективности производства баранины является ключевым фактором конкурентоспособности мясной овцеводческой отрасли. На производственную прибыль оказывают большое влияние уровень воспроизводства стада, рост ягнят и качество баранины. Все эти характеристики, представляющие экономический интерес, можно улучшить с использованием традиционных методик отбора. Однако потенциальные изменения, которые могут быть достигнуты с помощью промышленных технологий и кормления, зависят от условий окружающей среды, особенно при экстенсивных способах выращивания (Т.Т Глазко, А.Б. Комаров, 2008). В то время как генетическое улучшение признаков, способствующих производству баранины, является постоянным, кумулятивным, рентабельным и устойчивым (F. Montossi et al., 2013).

В последние десятилетия интенсивная исследовательская работа сосредоточена на способах включения молекулярной информации (маркеров ДНК) для ускорения селекционного процесса. Более глубокие знания о молекулярной архитектуре сложных количественных признаков создадут новые возможности для эффективного отбора с помощью маркеров или генов (B. Grisart et al., 2002).

Следовательно, быстрое улучшение количественных признаков, имеющих экономическое значение, у сельскохозяйственных животных зависит от идентификации основных генов, а также от изучения специфических генетических полиморфизмов в основных генах, ответственных за изменчивость характеристик этих признаков (A.B. Deykin et al., 2016).

В овцеводстве сведения об основных генах или локусах, влияющих на особенности роста и продуктивные качества овец, сравнительно ограничены, и лишь немногие из генов предлагают полезную информацию

для целенаправленного маркерного отбора по мясной продуктивности (L. Zhang et al., 2013). Поэтому весьма информативным является накопление и расширение знаний о генетической структуре овец отечественных пород для дальнейшего выявления уникальных участков генома и значимых для селекции маркеров, ответственных за хозяйственно полезные признаки (M.I. Selionova et al., 2020).

Отбор с помощью маркеров и вовлечение в селекционный процесс животных – носителей маркерных аллелей позволит повысить результативность селекционно-племенной работы. За последние десятилетия было выявлено несколько таких маркеров, основанных на полиморфизмах в гене лептина (*LEP*), участвующем в процессах энергетического обмена, которые связаны с накоплением жира в туше, массой тела и скоростью роста; гене μ -кальпаина (*CAPNI*) и кальпастатина (*CAST*), которые, как известно, играют ключевую роль в посмертном смягчении мяса и ассоциированы с нежностью мяса; полиморфизмы в гене рецептора гормона роста (*GH*), связанные с массой тела и качеством мясной продукции (J.L. Gill et al., 2009).

Наибольший интерес представляют исследования по оценке полиморфизма генов гормона роста (*GH*) и кальпастатина (*CAST*), которые предположительно можно считать маркерами количественных и качественных признаков высокой мясной продуктивности овец (E. Armstrong et al., 2018; V.A. Pogodaev et al., 2020; N.V. Shirokova et al., 2021).

Ген *GH* – один из первых генов, который был использован в качестве функционального и позиционного гена-кандидата в исследованиях ассоциации генотип–фенотип, связанных с ростом и признаками туши, из-за его роли в постнатальном онтогенезе, лактации, углеводном обмене и многих других аспектах гомеореза (E.M. Ibeagha-Awemu, 2008). Ген *GH* расположен на хромосоме 11, включает 5 экзонов и 4 интрона. Влияет на пролиферацию и рост клеток прямо или косвенно через стимуляцию инсулиноподобного фактора роста (IGF), оказывает влияние на такие биологические функции овцы, как рост, период лактации, воспроизводственные параметры,

особенности метаболизма. Вставки и делеции или мутации в гене *GH* приводят к различиям в показателях роста (Z. Akhatayeva et al., 2020).

Ген *CAST* на сегодняшний момент тестируется как перспективный маркер мясной продуктивности овец. Ген кальпастина локализован на хромосоме 5 у овец, включает 29 экзонов и 28 интронов, является ингибитором кальпаина, отвечающего за формирование скелетных мышц, деградации и нежности мяса после забоя (I.F. Gorlov et al., 2016; A.R. Sahu et al., 2017).

Таким образом, развитие молекулярной биологии и методов ДНК-анализа открыло возможности для более быстрого и точного отбора сельскохозяйственных животных, основанного на ДНК-маркерах (P.M. Petrovic et al., 2017). Учитывая актуальность молекулярно-генетических исследований как в научной области, так и в прикладной практической селекции, важность оценки генов, ответственных за производственные признаки овец, неоспорима.

Поэтому весьма актуальной является задача определения генетических параметров мясо-шерстных овец генотипа $\frac{1}{2}$ полл дорсет \times $\frac{1}{2}$ северокавказская мясо-шерстная и использования в селекции генотипов, наиболее благоприятных для мясной продуктивности.

Степень разработанности темы исследования. Проблемам создания стад в овцеводческой отрасли с признаками высокой мясной продуктивности посвящено немало исследований отечественных и зарубежных ученых (Т.Т. Глазко и А.Б. Комаров, 2008; М. Абдулмуслимов и др., 2020; Н.В. Широкова, 2020; В.П. Лушников и др., 2020; X. Wang et al., 2014; V. Gutiérrez-Gil et al., 2017). Одним из эффективных приемов увеличения производства мяса является отбор животных с учетом маркерных аллелей (Л.В. Гетманцева и др., 2018; Е.Ю. Сафарян и О.А. Яцык, 2019; М.И. Селионова и др., 2019; И.Ф. Горлов и др., 2021; D. Wijayanti et al., 2022). Так, полиморфизм гена гормона роста (*GH*) ассоциирован с ростом организма и многими признаками мясной продуктивности (Г.Н. Сердюк и

А.О. Притужалова, 2019; G. Ashour et al., 2020; C.P.L. Valencia et al., 2022), гена кальпастатина (*CAST*) – со степенью выраженности мягкости мяса при его созревании после забоя и качества мяса (J.L. Gill et al., 2009; M. Aali et al., 2017; K.I. Jawasreh and Z.V. Ismail, 2019a).

Наряду с этим, среди результатов исследований недостаточно информации по выявлению взаимосвязи одиночных нуклеотидных полиморфизмов с показателями роста и развития молодняка овец, физиолого-биохимическими параметрами, качественными и количественными показателями мясной продуктивности.

Поэтому наши исследования были направлены на изучение особенностей формирования мясной продуктивности у молодняка овец в зависимости от полиморфизма генов *GH* и *CAST*, что имеет как научную, так и практическую значимость.

Цель и задачи исследований. Основная цель исследования заключалась в выявлении полиморфизма генов *GH* и *CAST* у мясо-шерстных овец, связанных с продуктивностью и качеством мяса, для дальнейшего отбора животных с помощью молекулярных маркеров.

Для достижения указанной цели были поставлены следующие задачи:

- исследовать полиморфизм генов соматотропина (*GH*) и кальпастатина (*CAST*) у мясо-шерстных овец;
- определить рост и развитие молодняка овец с разными генотипами генов *GH* и *CAST*;
- изучить убойные качества, химический состав и биохимические компоненты белков мышечной ткани, микроструктурный анализ мяса у овец с разными генотипами генов *GH* и *CAST*;
- определить особенности морфологического и биохимического состава крови у овец с разными генотипами генов *GH* и *CAST*;
- рассчитать экономическую эффективность выращивания овец разных генотипов.

Научная новизна работы. Впервые определены аллельные варианты генов гормона роста (*GH*) и кальпастина (*CAST*) в популяции мясо-шерстных овец генотипа $\frac{1}{2}$ полл дорсет \times $\frac{1}{2}$ северокавказская мясо-шерстная. Впервые применен комплексный системный подход к исследованию генетических параметров, ассоциированных с морфобиохимическим статусом и продуктивными характеристиками мясо-шерстных овец. Дана генетическая структура исследуемой популяции мясо-шерстных овец по генам *GH* и *CAST*. Изучена связь полиморфизма генов *GH* и *CAST* с количественными и качественными характеристиками мясной продуктивности. У мясо-шерстных овец выявлены генотипы генов *GH* и *CAST*, содержащие значимые для селекции аллели, связанные с повышенным уровнем и качеством мясной продуктивности.

Теоретическая и практическая значимость работы. Полученная информация послужит основанием для разработки новых методов и приемов управления селекционным процессом в овцеводческих организациях. Практическая значимость исследования заключается в том, что кодоминантность наследования генетических маркеров обеспечивает получение селекционного материала для широкого использования в племенной работе, что создает условия для генетического совершенствования мясо-шерстных овец.

Диагностика и применение предложенных генов при отборе и подборе животных в раннем возрасте позволит повысить эффективность проводимой селекционно-племенной работы. Проведенные исследования позволяют найти дополнительные резервы увеличения производства мяса за счет реализации генетического потенциала мясной продуктивности мясо-шерстных овец на основе совершенствования методов селекции.

Полученные результаты работы, установленные закономерности и практические предложения могут быть востребованы в последующих научных исследованиях, направленных на увеличение эффективности селекционно-племенной работы в овцеводстве. Кроме того, полученные

сведения могут быть использованы для подготовки зооветеринарных специалистов, а также в учебном процессе в качестве лекционного материала по генетике, селекции и разведению овец в учебных заведениях зоотехнического, ветеринарного и биологического профиля.

Методология и методы исследования. При написании исследовательской работы изучены работы российских и зарубежных авторов, посвященные изучаемой проблеме. Данное исследование основано на комплексном использовании основных методов научного познания: общенаучные (индукции, дедукции, эксперимент) и специальные (зоотехнические, биологические, молекулярно-генетические). Обработка результатов количественных и качественных характеристик проводилась при помощи статистических и математических программ, применение которых позволило получить объективные данные.

Основные положения, выносимые на защиту:

- гены *GH* и *CAST*, контролирующие хозяйственно ценные продуктивные признаки у мясо-шерстных овец, полиморфны;
- аллельные варианты генов *GH* и *CAST* имеют связь с количественными и качественными характеристиками мясной продуктивности у популяции мясо-шерстных овец;
- селекция мясо-шерстных овец с учетом молекулярно-генетических маркеров продуктивности приводит к увеличению экономической эффективности.

Степень достоверности и апробация результатов. Выполнен значительный объем исследований, проведенный на достаточном по численности поголовье животных с применением современных методов исследования, оборудования, биометрической обработки экспериментальных данных с оценкой степени достоверности различий между животными разных генотипов, использованием программного обеспечения (MS Excel, BioStat). Результаты научных исследований по диссертационной работе приняты к внедрению в производственную деятельность СПК ПЗ «Восток»

Степновского района Ставропольского края, а также используются в учебном процессе Ставропольского ГАУ и Санкт-Петербургского ГАУ в качестве справочного материала для лекций и лабораторно-практических занятий.

Работа выполнялась в соответствии с государственным планом НИР Всероссийского научно-исследовательского института овцеводства и козоводства – филиала Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр» согласно направлению исследований «Теоретические основы молекулярно-генетических методов управления селекционным процессом с целью создания новых генотипов животных, птиц, рыб и насекомых с хозяйственно ценными признаками, системы их содержания и кормления» (№ госрегистрации АААА-А19-119072690003-2); «Изучение, мобилизация и сохранение генетических ресурсов животных и птицы в целях использования их в селекционном процессе» (№ госрегистрации АААА-А19-1190726900063).

Результаты исследований и основные материалы диссертации доложены, обсуждены и одобрены на ежегодных отчетах отделов овцеводства и козоводства, генетики и биотехнологии, заседаниях ученого совета ВНИИОК – филиала ФГБНУ «Северо-Кавказский ФНАЦ» в 2019–2021 гг. (г. Ставрополь); на международных научно-практических конференциях «Инновационные разработки молодых учёных – развитию агропромышленного комплекса» ФГБНУ «Северо-Кавказский ФНАЦ» (г. Михайловск, 2020); «Актуальные проблемы естественных и сельскохозяйственных наук», Ошский ГУ (Кыргызская республика, г. Ош, 2021); национальной научно-практической конференции «Перспективные разработки молодых ученых в области производства и переработки сельскохозяйственной продукции» Ставропольский ГАУ (г. Ставрополь, 2021).

Публикация результатов исследования. По материалам диссертационной работы опубликовано 7 научных статей, в том числе 4 – в изданиях, рекомендованных ВАК РФ.

Объем и структура диссертации. Диссертационное исследование представлено следующими разделами: введение; обзор литературы; материал и методика исследований; результаты исследований и их обсуждение; заключение, включающее выводы, рекомендации производству и перспективы дальнейшей разработки темы; список использованной литературы. Научный труд изложен на 138 страницах компьютерного текста, иллюстрирован 31 таблицей, 6 рисунками. Список литературы состоит из 238 библиографических источников, в том числе 144 – на иностранных языках.

Личный вклад соискателя. Научный материал автор подготовил самостоятельно при контроле научного руководителя. В процессе выполнения работы автором собрана и обобщена актуальная информация по заданной тематике и даны ответы на все поставленные задачи исследования. Диссертационное исследование является четко структурированным, с организованным переходом от одной главы к другой. Автору принадлежит разработка структуры и обоснование темы исследования, постановка проблемы, определение цели и задач, значимость вопросов исследования. Экспериментальная часть научно-исследовательских работ выполнена автором в полном объеме, проведен анализ и обработка первичных данных, сформулированы выводы и даны предложения для будущих исследований.

Представленная диссертация является завершенной научно-квалификационной работой и свидетельствует о личном вкладе автора в области научных исследований в овцеводческой отрасли.

ОСНОВНАЯ ЧАСТЬ

1. ОБЗОР ЛИТЕРАТУРЫ

1.1 Необходимость развития мясного овцеводства в Российской Федерации

Российская Федерация остается одним из крупнейших в мире импортеров мяса и мясных продуктов. В настоящее время почти 27 % внутреннего рынка мяса в России обеспечивается за счет импорта (это на 12 процентных пунктов выше уровня безопасности). Доля России в мировом производстве мяса около 2 %, что значительно ниже ее потенциальных возможностей. Это наносит вред экономике и вызывает необходимость изучения возможностей увеличения производства мяса, с целью снижения зависимости России от импорта с учетом важности и специфики каждой мясной отрасли (А.И. Ерохин и др., 2019; А.Ф. Максимов, 2020).

Овцеводство является одной из отраслей животноводства, которое отличается большим разнообразием продукции, способностью эффективно производить ее за счет использования природных и кормовых ресурсов в условиях их ограниченной доступности и недоступности для других видов сельскохозяйственных животных. В то же время овцеводство в нашей стране считается обширной и убыточной отраслью. Тем не менее, в зарубежной практике овцеводства за счет производства баранины (Западная Европа, США) и овечьего молока (страны Ближнего Востока) достигается высокая экономическая эффективность отрасли. Австралия и Новая Зеландия по-прежнему занимаются производством высококачественной мериносовой тонкой шерсти (М.М. Войтюк, О.П. Мачнева, 2021). В целом мировое производство шерсти сокращается на 6-10 % каждые 5 лет, то время как производство других волокон продолжает расти. За последние два десятилетия мировое производство синтетических штапельных и

целлюлозных волокон значительно увеличилось. Именно эти волокна наиболее непосредственно конкурируют в смесях с шерстью, особенно в поливискозе для костюмных тканей и в акриловом трикотаже. Несмотря на это тонкая и сверхтонкая шерсть остается востребованной, а цена на нее растет. Имея это в виду, в странах с развитым овцеводством (включая те страны, которые традиционно были сосредоточены на производстве шерсти), делают значительные усилия по переориентации овцеводства с производства шерсти на мясо или же базируются на разведении мясо-шерстных пород.

Страны, которые и ранее занимались производством баранины, сохранили или увеличили поголовье овец. Почти каждая страна уделяет особое внимание производству баранины и ягнятины, на долю которых приходится 90 % и более от общей стоимости валовой продукции этой отрасли. До 80 % валового производства мяса дает реализация ягнят скороспелых мясных и мясошерстных пород овец в основном от помесного овцеводства (Н.А. Колотова, 2018).

Ситуация с введением санкций США и ЕС относительно Российской Федерации потребовала принятия решений со стороны российского правительства для введения контрсанкций против этих стран и понимания необходимости самообеспечения продукцией животноводства, в том числе и овцеводческой (Т.О. Дмитриева, 2020).

В результате мер, принятых в Российской Федерации с 2000 года, увеличилась численность овец в 1,6 раза и на начало 2020 года составила 20,65 млн. голов во всех категориях хозяйств. Большая часть поголовья овец (42,8%) сосредоточена в личных подсобных хозяйствах населения (ЛПХ) и остается стабильным на протяжении многих лет. Доля поголовья овец также остается высокой в крестьянских (фермерских) хозяйствах (КФХ), численность которых составляет 40,7 % (В.Н. Кузьмин и др, 2019). На современном этапе основной задачей отрасли является интенсификация производства, которая достигается за счет повышения продуктивности животных, эффективной селекционной работы, создания прочной кормовой

базы и внедрения передовых технологий производства продукции овцеводства (I.F. Gorlov et al., 2020).

Основной доход от производства овцеводческой продукции дает реализация баранины. Использование мясной продуктивности овец приводит к закономерному повышению экономической эффективности и конкурентоспособности отрасли (Д.В. Чурюмов и А.В. Малсугенов, 2019).

В последние годы наметилась тенденция к увеличению производства баранины. Для крестьянско-фермерских хозяйств разведение овец на мясо уже стало очень выгодным бизнесом. В связи с этим значительно вырос интерес фермеров к импортным мясным породам, ранее не знакомым российским овцеводам: тексель, дорпер, цвартблес, прекос, уилтшир рогатый и др. (Х.А. Амерханов, 2017).

Глобальной целью овцеводства как сельскохозяйственного сектора является обеспечение людей высококачественным мясом, разработка путей более эффективного использования генофонда имеющихся пород овец с целью повышения уровня и качественных характеристик мяса (I. Shadskaja et al., 2015).

Баранина по своему питательному составу, пожалуй, самое полезное для здоровья мясо, богатое такими необходимыми веществами, как белок, жиры, витамины, микро- и макроэлементы. Как показали исследования S.M. Fowler et al. (2019), баранина является отличным источником витаминов группы В, особенно витамина В12, невероятно богата минералами, в частности железом, фосфором, селеном и цинком. Отличительная особенность баранины – это низкое содержание холестерина в жире (290 мг/кг), что в 3-4 раза ниже, чем в говядине и свинине (Д.А. Вологирова, 2021).

Овцеводство в России является специализированной отраслью, которая располагает генофондом в более чем 40 пород овец. Если сравнивать с такими высокотехнологичными отраслями как молочное скотоводство и свиноводство, то можно сказать, что в овцеводстве применяются довольно

простые технологии производства продукции. В силу высокой потребности в ручном труде, невозможности использования современных средств компьютеризации и автоматизации большинство руководителей и специалистов сельскохозяйственных предприятий оценивают овцеводческую отрасль низкоэффективной с точки зрения отдачи на единицу затрат (М.И. Селионова, В.А. Багиров, 2014). Поэтому производство мяса в хозяйствах, занимающихся разведением и выращиванием овец, должно получить приоритет по сравнению с другими видами конечного продукта (овчина, шерсть и т.д.) (Н.А. Балакирев и др., 2019).

По оценкам экспертов, промышленное мясное овцеводство может обеспечивать до 70 % баранины от валового производства в стране. В России на сегодняшний день еще не создан генофонд высокопродуктивных специализированных мясных пород, которые бы полностью отвечали современным требованиям, что является неотложной задачей отечественной овцеводческой науки и практики. В стране только зарождается сегмент крупных производителей баранины, использующих высокотехнологичное промышленное производство. Так, в последние годы появились новые предприятия, это ООО «Предприятие Успех» Ставропольского края, ООО «Чабан» республики Калмыкия, ООО «Бозторгай» и агротехнопарк «АгроДагИталия» республики Дагестана, которые специализируются на забое овец и глубокой переработке баранины. Имеющиеся на сегодняшний день крупные агрохолдинги (группа компаний «Ресурс», Агрокомплекс им. Н. Ткачева) проводят работу, включающую полный цикл, от производства до переработки баранины на промышленной основе. Это свидетельствует о перспективности данного направления в агропромышленном животноводстве России. Переход к промышленному производству мяса потребует внедрения современных научных разработок и технологических решений, а также использования научно обоснованных систем гибридизации (Т.Е. Маринченко, А.П. Королькова, 2019).

Тенденции увеличения спроса на баранину, уменьшение поголовья тонкорунных пород овец и увеличение поголовья мясных и мясошерстных пород повлияли на вектор научных исследований: создаются новые породы и породные типы овец, характеризующихся высокой продуктивностью в различных природно-климатических зонах страны; разрабатываются современные системы кормления и содержания овец, а также технологии создания высокопродуктивных пастбищ; ведется разработка новых лекарственных средств и методов их применения для обеспечения ветеринарного благополучия и здоровья мелких жвачных животных; создана нормативная база для обеспечения соответствия продукции овцеводства мировым стандартам качества (Т.Е. Маринченко, А.П. Королькова, 2019; В.В. Цыгуева, 2019). Помимо этого, в последнее время, благодаря развитию современных технологий и высокому уровню отечественных научных школ в области молекулярной генетики, геномики и биоинформатики для заметного ускорения темпов генетического прироста желаемых производственных признаков, разрабатываются новые методы и подходы, с использованием молекулярных маркеров (J.D. Platten et al., 2019).

Таким образом, можно отметить, что во всем мире наблюдается тенденция к переориентации шерстяного сектора на мясной. Было выведено большое количество пород, показывающих высокие результаты откорма. В странах с развитым овцеводством проводится селекционно-племенная работа по улучшению качества шерсти и повышению эффективности мясного сектора, а также по поддержке и продвижению экспорта овцеводческой продукции (J. Issakowicz et al., 2018). В России наблюдается стабильный рост производства баранины, что позволило увеличить экспорт с 460 тонн в 2017 г. до 12 400 тонн в 2018 г. В 2019 г. производство мяса сократилось из-за неблагоприятных для отрасли обстоятельств: снижения объема кормовой базы и ветеринарных ограничений на перемещение скота. Развивающийся сектор овцеводства реализует крупные проекты (Холдинги «Мираторг» и «АгриВолга», а также группа компаний «Дамате») с большими

производственными мощностями и внедрением инновационных технологий. Такие темпы способны способствовать решению поставленных государством задач по увеличению экспорта продукции овцеводства (Л.Д. Самусенко, 2021). Отраслевые научно-исследовательские институты работают над решением проблемы создание генофонда высокопродуктивных специализированных мясных пород, полностью отвечающих современным требованиям, а также развитие инновационных технологий. Их проекты должны в полной мере использоваться как промышленным сектором, личными подсобными хозяйствами, так и крестьянскими (фермерскими) предприятиями для повышения качества их продукции и эффективности производства (В.И. Комлацкий и др., 2020).

1.1.1 Пути повышения мясной продуктивности овец

На мясную продуктивность овец влияют многочисленные факторы, в частности, породная принадлежность, способы разведения и выращивания, условия кормления и содержания, климатические условия, срок ягнения маток и т.д. (А.В. Молчанов и др, 2017).

В связи с тем, что развитие овцеводческой отрасли и повышение ее экономической эффективности в настоящее время связано с увеличением уровня производимой баранины, то весьма актуальным является разработка новых методов и способов интенсификации овцеводства (А.И. Суров, А.А. Пикалов, 2012).

Одним из доступных и эффективных приемов увеличения мясной продуктивности и улучшения качества мяса является широкое применение различных вариантов промышленного скрещивания (Ю.А. Колосов и др., 2018).

Использование метода промышленного скрещивания овец является существенным резервом в повышении производства баранины. Успешное сочетание родительских пород при промышленном скрещивании

способствует развитию помесных животных, определяемых проявлениями эффекта гетерозиса. Гетерозис возникает при скрещивании неродственных пород. Чем ниже родство между породами, тем выше гетерозис. Исследования показывают, что гетерозис действительно улучшает такие характеристики, как жизненная сила, плодовитость, здоровье и выживаемость, что также обеспечивает более высокую производительность, чем в среднем у родителей.

Этот метод разведения позволяет быстро, безопасно и без дополнительных затрат повысить продуктивность животных и улучшить качество продукции за счет использования наследственных свойств исходных пород. Однако, учитывая низкую повторяемость результатов скрещивания различных пород в разных районах, возникает необходимость в разработке и определении оптимальных вариантов скрещивания с целью повышения мясной продуктивности тонкорунных пород (А.В. Болотаев, 2019).

Немало исследований направлено на изучение эффективности скрещивания овцематок тонкорунных пород с производителями мясных, мясошерстных и мясосальных пород для повышения мясной продуктивности овец и получения высококачественной баранины (А.А. Омаров и др., 2016; А.Г. Gagloev et al., 2017; О.Н. Орлова и др., 2021).

Экспериментальным путем получены положительные результаты от эффекта гетерозиса при двухпородном скрещивании полутонкорунных маток с баранами мясных пород (А.А. Омаров, 2012; М.Р Petrović et al., 2011).

Г.К. Василиади и др. (2014) при проведении межпородного скрещивания овец получили результаты, показывающие превосходство гибридов по живой массе по сравнению с родительскими формами.

Применяя промышленное скрещивание маток волгоградской и кавказской пород с эдильбаевскими баранами, Ю.А. Колосов и Н.В. Широкова (2010) установили превосходство полученного помесного

потомства над чистопородными ягнятами контрольной группы по показателям мясной продуктивности.

Учеными из Казахстана К. Жумадила и др. (2017) для увеличения мясной продуктивности овец проводилось скрещивание мясо-сальных овец с тонкорунными породами, в результате которого был получен молодняк, отличающийся лучшими мясными качествами, чем их чистопородные сверстники.

Скрещивание служит предсказуемым и экономически эффективным методом повышения продуктивности овец и вносит значительный вклад в увеличение производства мяса баранины. Ю.А. Юлдашбаев и др. (2017) изучали продуктивные качества помесного молодняка первого поколения, полученного в результате скрещивания калмыцкой курдючной и грозненской тонкорунной породы. Авторы установили преимущество помесей по сравнению с чистопородным молодняком по показателям мясной продуктивности.

Однако использование промышленного скрещивания в нашей стране не получило должного распространения, несмотря на многочисленные исследования. Хотя тщательно спланированный подход к выбору пород и животных внутри пород при проведении скрещивания оказывает полезное воздействие на производственные характеристики. (A.G. Gagloev et al., 2017).

Вместе с тем получение высокой продуктивности с одновременным снижением производственных затрат в овцеводстве можно достичь не только использованием методов межпородного скрещивания, но и усовершенствованием технологических приемов (В.В. Абонеев, Н.В. Коники, 2015).

Более эффективному сельскохозяйственному производству может способствовать применение интенсивных технологий содержания овец, приводящих к увеличению продуктивности животных (G.A. Muñoz-Osorio et al., 2019). Одной из таких технологий является откорм (нагул) животных, что

особенно прибыльно для овцеводческой отрасли, в сравнении с откормом в скотоводстве.

К.А. Егорова и др. (2020) отмечают, что при правильной технике откорма и нагула, учитывая условия кормления, возраст и породность животных овцы мясо-сальных и мясо-шерстных пород дают 200-250 г. среднесуточного прироста. П.О. Мусаева (2010), Т.Л. Зуева (2015) считают, что откорм тонкорунных овец приводит к высокой экономической отдаче и возможности реализации мяса с убойной массой 16-18 кг в первый год жизни.

Н.Г. Чамурлиев и др. (2013) занимались изучением откормочных качеств овец волгоградской породы и пришли к выводу, что откорм баранчиков, в рационах которых содержится больше протеина по сравнению с низкопротеиновым кормлением, повышает экономическую эффективность производства баранины на 23,17 %.

В условиях Саратовского Заволжья был проведен эксперимент о влиянии нагула на продуктивность овец цигайской и ставропольской породы. При расчете экономической эффективности были выявлены положительные аспекты проведения нагула, выразившиеся в получении дополнительной прибыли в сумме 269,2 руб. и 322,0 руб. (В.П. Лушников, 2018).

По мнению А.Р. Джаджиева и Р.Д. Бестаева (2018), матки, находившиеся на откорме, обладали большим потенциалом с точки зрения продуктивных характеристик. Так, отмечено их превосходство по убойным показателям в сравнении с аналогами из контрольной группы, вследствие чего полученная прибыль возросла на 29,8 %.

Исследования S.A. Mekuria et al. (2018), G.M. Suliman et al. (2021) показали большое экономическое значение откорма. В конце экспериментального периода авторами выявлена более высокая убойная масса откормочных животных и лучшие качественные характеристики мяса.

Л.А. Пашкова (2021) с целью увеличения производительности овец и экономической устойчивости сельскохозяйственной организации рекомендует технологию содержания ягнят на пастбище с отъемом в 3-месячном возрасте и дальнейшим откормом до возраста 4 месяца с последующей реализацией на мясо. При таком подходе выращивания рентабельность производства увеличивается на 7,9 %.

Повышения продуктивности овец также можно добиться за счет лучшего кормления, уровень которого определяется некоторыми взаимосвязанными факторами, такими как доступность питательных веществ, типом и уровнем кормления (И.В. Засемчук, А.С. Чернышков, 2019).

Компоненты корма оказывают значительное влияние на продуктивность животных. Для овцеводства пищевая ценность любых кормов, в основном, зависит от концентрации углеводов, жиров, белков и их усвояемости, содержания витаминов и минералов в сухом веществе, а также калорийности рационов (F. Kırkınar, Z. Açıkgöz, 2018).

Для увеличения количества и качества продуктов животноводства и улучшения конверсии кормов рекомендуется добавлять в рацион кормовые добавки, естественные стимуляторы роста, такие как органические кислоты, пробиотики, пребиотики, синбиотики, эфирные масла, ферменты и т. д. (K. Karásková et al., 2015; И.Ф. Горлов и др., 2020; Г.В. Завгородняя и др., 2020).

Б.Т. Абилов и др. (2015) применяя синбиотическую добавку «ЛактоСан-СА» на молодняке овец опытных групп достигли более высокого уровня рентабельности на 3,4 и 13,4 % в сравнении с контрольными животными. Полученные результаты подтвердили целесообразность использования исследуемого препарата и перспективность его применения при выращивании ягнят.

Д.Д. Боваев и Ц.Б. Манджиев (2019) проводили исследования на помесных валушках (калмыцкая х дорпер), добавляя в состав рациона

пробиотик «Амилоцин», что положительно сказалось на росте и развитии опытных ягнят, живая масса которых на 8,1 % превышала массу контрольного молодняка. А.Т. Варакин и др. (2019) при кормлении баранчиков использовали рыжиковый жмых низкоглюкозинолатных сортов, что позволило повысить эффективность откорма в среднем на 10,9 %.

Включением дрожжевой добавки в основной рацион баранчиков В.И. Косилов и др. (2019) добились увеличения живой массы и среднесуточного прироста молодняка в период выращивания. Данные исследований S.F. Mohammed et al. (2018) также свидетельствуют о том, что добавление дрожжей в рацион жвачных животных улучшает потребление корма, приводит к увеличению веса и продуктивности. Кроме того, это влияет на структуру летучих жирных кислот и усвоение некоторых минералов.

S.M.A. Sallam et al. (2020) изучали показатели роста и развития ягнят породы барки шерстно-мясо-молочного направления продуктивности, дополняя их основной рацион питания микробной смесью кормовых добавок. Авторами установлено, что добавление препарата в дозе 0,5 г/день в течение 16 недель позволило увеличить среднесуточные приросты опытного молодняка и живую массу.

M. Cherif et al. (2018) проводили эксперимент по кормлению овец породы барбарин, направленный на определение реакции овец на рационы с высоким или низким содержанием концентрата, обогащенного семенами черного тмина. В результате эксперимента оказалось, что овцы, получающие с основным рационом более высокое количество семян тмина, значительно увеличили скорость роста.

A. Radzik-Rant et al. (2018) оценили влияние использования влажного пивоваренного зерна в качестве добавки к рациону ягнят и обнаружили, что включение до 35 % зерна в день увеличило среднесуточный прирост и сократило период откорма экспериментальной группы. Кроме того, влажное пивоваренное зерно привело к улучшению качества мяса ягнят.

Таким образом, применение различных селекционных приемов, разработка и внедрение новых передовых технологий, а также повышение эффективности кормления обеспечивает безопасную и перспективную стратегию для повышения производства животного белка и лучшего использования ресурсов овец.

1.2 Молекулярная генетика в животноводстве

Способы улучшения продуктивных качеств животного, традиционно основанные на биометрической оценке племенных параметров по показателям собственной продуктивности, родителей и потомства, а также сибсов и полусибсов, не в полной мере дают точный прогноз о продуктивности животных (G. Gebreselassie, H. Verihulay, 2020).

Начиная с 1970-х годов, наступление эры молекулярной генетики предоставило новые возможности для улучшения селекционных программ в животноводстве с использованием ДНК-маркеров для идентификации генов или геномных областей, которые контролируют интересующие признаки (М.И. Селионова и др., 2021).

Достижения в области молекулярной биологии за последние три десятилетия привели к революционным изменениям в области как фундаментальной, так и прикладной генетики, предоставив несколько новых подходов к анализу генома с большей генетической разрешающей способностью (Ю.А. Столповский, 2013). Стало возможным выявление большого количества генетических полиморфизмов на уровне последовательности ДНК и использования их в качестве маркеров для оценки генетической основы наблюдаемой фенотипической изменчивости (Н.А. Зиновьева и др., 2019).

Молекулярная генетика – это изучение генетического состава индивидов на уровне ДНК. С помощью методов молекулярной генетики

можно идентифицировать гены, участвующие в формировании различных хозяйственно-полезных параметров (A. Fleming et al., 2018).

Проведение селекции при помощи молекулярного подхода обладает рядом преимуществ по сравнению с традиционными методами:

- при условии отсутствия ошибок генотипирования молекулярно-генетическая информация не подвержена влиянию окружающей среды и, следовательно, имеет наследуемость, равную 1;

- молекулярно-генетическая информация может быть доступна в раннем возрасте, в принципе, на стадии эмбриона, что позволяет осуществлять ранний отбор и сокращать интервалы между поколениями;

- молекулярный подход помогает проводить отбор по широкому спектру признаков, в том числе по трудно регистрируемым, что, в свою очередь, экономит время и усилия;

- молекулярно-генетическая информация повышает надежность прогнозирования фенотипа взрослой особи (N.V. Nigmatullina et al., 2018).

Быстрое развитие молекулярных методов открыло основу генов для разведения животных с помощью молекулярных маркеров, которые были недоступны ранее при обычном разведении, что вызвало большой интерес к MAS (Marker Assisted Selection, маркер ассоциированная селекция). Использование передовых молекулярно-генетических технологий представляет перспективный способ отбора племенных животных на ранней стадии (даже эмбриона) развития, а также – по целому комплексу хозяйственно-полезных признаков (Н. Минакова, 2021).

Методы молекулярной генетики позволяют проводить прямое генотипирование животных с помощью молекулярных маркеров независимо от возраста и пола животного. Молекулярные маркеры, которые выявляют полиморфизм на генном уровне, наряду с традиционным методом отбора, в настоящее время играют решающую роль в отборе животных для улучшения производства продукции на ранних стадиях и у обоих полов (А.К. Yadav et al., 2017).

Молекулярный маркер – это определенный сегмент ДНК, который отражает различия на уровне генома. Маркеры могут коррелировать или не коррелировать с фенотипическим выражением признака, обладают многочисленными преимуществами по сравнению с традиционными альтернативами на основе фенотипа, поскольку они стабильны и обнаруживаются во всех тканях, независимо от роста, дифференцировки, развития или защитного статуса клетки, и не зависят от окружающей среды, плейотропных и эпистатических эффектов (M. Agarwal et al., 2008).

Разработанные первоначально маркеры изоферментов являлись прямыми продуктами экспрессии генов (Y.V. Chesnokov, 2018), за ними последовали молекулярные маркеры на основе полимеразной цепной реакции (ПЦР). Исследования, направленные на изучение закономерностей генетической изменчивости определенных маркерных локусов в популяции, позволяют минимизировать воздействие, возникающее в результате скрещивания между животными, обеспечивая сохранение их генетического разнообразия.

Полиморфными маркерами, используемыми в настоящее время в оценке генетического разнообразия, ассоциативном анализе с фенотипическими признаками и устойчивостью к инфекционным заболеваниям, являются: полиморфизм длины рестрикционного фрагмента (RFLP), случайная амплифицированная полиморфная ДНК (RAPD), полиморфизм длины амплифицированного фрагмента (AFLP), микросателлиты или простые повторы последовательности (STR) и однонуклеотидный полиморфизм (SNP) (Е.К. Хлесткина, 2015; A.N. Naqvi, 2007).

Анализ полиморфизма длины рестрикционных фрагментов (RFLP) – это метод, используемый для косвенного сбора информации о мутациях, происходящих в определенных коротких областях (сайтах рестрикции) (В.П. Доменюк, А.Ю. Гончаров, 2005; D. Botstein et al., 1980), который позволяет обнаруживать полиморфизмы на уровне последовательности ДНК.

Эффективность маркеров RFLP доказана при создании генетических карт различных видов животных и растений. Было обнаружено, что маркеры, разработанные для одного вида, могут быть использованы для анализа генома родственных видов и родов (Е.К. Khlestkina, 2013). Метод RFLP основан на выявлении полиморфизмов у разных индивидуумов и на различиях в размерах фрагментов рестрикции, образующихся в результате расщепления амплифицированных участков ДНК эндонуклеазой рестрикции. Молекулярные маркеры RFLP использовались для выяснения неоднозначных таксономических классификаций у филогенетически родственных видов. S.R. Paiva et al. (2005) методом RFLP при исследовании полиморфизма митохондриального гена цитохромоксидазы I (COI) (фрагмент из 1052 пар оснований) показали, что основные породы бразильских овец происходят из разных континентов: породы Санта-Инес и Бергамация были европейского происхождения, сомалийская порода и Морада Нова характеризовались африканским происхождением.

Использование видоспецифичного маркера RFLP позволило S.M. Abdel-Rahman et al. (2009) идентифицировать лошадей и мулов, для различия которых амплифицировали сегмент митохондриальной ДНК мышечной ткани животных, размером 359 п.н. После обработки полученных амплификатов ферментом рестрикции оказалось, что ДНК-продукт лошадей дает три фрагмента, в отличие от ДНК мулов, где таковых фрагментов обнаружить не удалось.

Исследования RAPD основаны на полимеразно-цепной реакции с использованием праймеров, гомологичных целевым участкам в геноме. Этот маркер помогает расшифровывать закономерности генетической изменчивости и может быть использован для принятия мер по сохранению видов, находящихся под угрозой исчезновения (B. do Amaral Crispim et al., 2012). Ряд исследователей продемонстрировали эффективность этого метода при изучении генетического разнообразия различных пород овец в Пакистане

(M. Qasim et al., 2011), Индии (K.G. Kumar et al., 2003) и Турции (С. Elmaci et al., 2007).

В.А. Ali et al. (2003) при помощи маркеров RAPD оценили генетическое сходство между курами мясных и яичных направлений продуктивности. Основываясь на данных RAPD, оказалось, что генетическая структура двух пород яичных кур имеет 72,4-85,4 % схожести, а мясные куры схожи на 86,9 %.

Оценка генетических дистанций между несколькими породами лошадей и существующей изменчивости среди этих пород с помощью молекулярных маркеров RAPD-PCR показала четкие различия между исследуемыми породами (А.А. Egito et al., 2007).

Метод AFLP основан на ПЦР-амплификации подмножества фрагментов, полученных в результате сайт-специфического расщепления геномной ДНК ферментами рестрикции II типа (M. de Barros Lopes et al., 2002). Эффективность этого метода установили S. He et al. (2008) при изучении генетического разнообразия 6 пород овец, а также S. Li et al. (2009) при идентификации 6 пород свиней в Китае.

Другой метод, широко используемый для характеристики генетической изменчивости, индивидуальной идентификации, тестирования на отцовство, построения генетических карт и изучения популяционной генетики использует микросателлиты. Микросателлиты обладают высокой частотой мутаций, обилием и распределением по всему геному, демонстрируют нейтральность и совместное доминирование, а простая автоматизация аналитических процедур позволяет использовать их для оценки генетического разнообразия между породами и внутри пород (Н.А. Зиновьева и др., 2011). Микросателлитные маркеры характеризуются хорошей воспроизводимостью и высокой степенью полиморфности (Т.Ю. Киселева и др., 2010), широко используются для оценки генетического разнообразия и популяционных структур домашних животных, в том числе и овец (В.М. Кузнецов, 2020).

Относительно высокий уровень полиморфизма по сравнению с другими маркерами делают микросателлиты важным инструментом для геномного анализа (B. do Amaral Crispim et al., 2012). Оценка пяти различных пород овец по восьми микросателлитным локусам показала весьма существенные различия в аллельных частотах, указывая, что микросателлитные маркеры могут быть применимы для изучения эволюционных взаимоотношений между породами. А.К. Yadav et al. (2017) использовали микросателлиты для генотипической характеристики у испанских и швейцарских пород овец, эти маркеры оказались эффективными для оценки генетического разнообразия и расчета генетических расстояний между изучаемыми породами.

М.Ю. Озеров и др. (2007) указали на эффективность проведения генетической экспертизы достоверности потомства у овец на основе микросателлитных локусов, которая составила 99,99 %, в том случае, если известен генотип матери и 95 % – если не известен. При помощи микросателлитов Э.А. Снегин и др. (2018) определяли чистоту породной принадлежности коров и телок черно-пестрой голштинской и красно-пестрой породы и добились положительных результатов.

В настоящее время вышеуказанные маркеры по прежнему находят широкое применение в практической селекции, однако в последние десятилетия технологии развития генотипирования привели к появлению маркеров, основанных на полиморфизме единичного нуклеотида – SNP (А.Ю. Криворучко и др., 2021).

Маркеры SNP базируются на элементарных изменениях в молекуле ДНК, то есть мутациях в отдельных нуклеотидах (аденин, цитозин, тимин или гуанин), и являются биаллельными, когда у одного вида обычно встречаются только два варианта (например, аллели, соответствующие паре оснований А/Т, другие – G/C). SNP распространены по всему геному, могут встречаться в кодирующих областях или с регуляторными функциями – хотя

в большинстве случаев они локализованы в межгенных разделительных областях (Н.В. Дементьева, О.К. Васильева, 2013).

Полиморфизм единичного нуклеотида используется в ассоциативных исследованиях, генетическом картировании, диагностических анализах на отцовство, индивидуальной идентификации (отслеживаемости) и для выявления генетических заболеваний и/или полиморфизмов, связанных с производственными признаками (А.Ю. Криворучко и др., 2021). Исследования, построенные на изучении SNP, долгое время были неполными из-за технологических ограничений. Однако за последнее десятилетие были достигнуты значительные успехи в секвенировании геномов млекопитающих и в разработке инструментов биоинформатики, которые улучшили массовое генотипирование SNP (В.Р. Харзинова и др., 2017).

До недавнего времени стандартный метод поиска маркеров SNP основывался на методе секвенирования Сэнгера, но в настоящее время существуют панели SNP с высокой плотностью охвата всего генома SNP-маркерами. Существует вероятность, что эти SNP расположены рядом с интересующими генами, и объясняют некоторые генетические вариации популяции.

В настоящее время доступны чипы низкой (около 10 000 SNP), средней (более 50 000 SNP) и высокой плотности (около 800 000 SNP) для геномного анализа наиболее важных видов животных (А.Ф. Yakovlev, 2018). Платформа генотипирования, основанная на ДНК-чипах, доступная для домашних животных, в настоящее время принадлежит американской компании Illumina (Сан-Диего, Калифорния). Области применения таких чипов включают идентификацию локусов количественных признаков, исследования ассоциаций в целом, тестирование на отцовство и достоверность происхождения, а также более точный анализ разнообразия и состава пород животных.

Наиболее востребованными для применения в животноводстве SNP чипы могут быть при проведении полногеномных ассоциативных

исследований с целью улучшения производства мяса и молока (Т.Н.Е. Meuwissen et al., 2001).

Недавние исследования показали, что массивы SNP средней плотности (содержащие более 50000 маркеров – чип Illumina SNP50K), созданные для домашних животных, включая крупный рогатый скот, лошадей, свиней, овец и собак, способны на более точное прогнозирование продуктивных признаков (V.R. Kharzinova et al., 2015).

На базе ДНК-чипа SNP50 для овец J.W. Kijas et al. (2009) разработали панель из 1536 SNP от 23 домашних и двух диких пород овец для анализа ядерного генома, создания кластеров на основе географического происхождения животных и смогли идентифицировать популяционные субструктуры внутри отдельных пород.

J.W. Kijas et al. (2012) с использованием SNP-чипа (~49 034 SNP) провели генотипирование 2819 животных из 74 пород овец из Азии, Африки, Юго-Западной Азии (Ближний Восток), Карибского бассейна, Северной Америки, Южной Америки (Санта-Инес и Морада-Нова), Европы и Австралии для оценки глобального генетического разнообразия овец. По результатам исследования они показали, что овцы сохранили высокий уровень межпородного биоразнообразия (в отличие от других домашних видов, таких как собаки). Авторами также определены конкретные области генома, содержащие убедительные доказательства быстрых изменений в процессе эволюции овец.

Проведено общегеномное исследование ассоциации (GWAS) 486 типизированных животных дикой породы Сой с признаками комолости у овец, в результате которого обнаружен ген-кандидат, отвечающий за рогатость животных (*RXFP2*, релаксинподобный рецептор 2) (Z. Pan et al., 2018).

Т.Е. Денискова и др. (2021) представили результаты генотипирования помесных овец (романовская х катадин) х романовская, с помощью ДНК-чипа. В своей работе исследователи идентифицировали 38 SNP, достоверно

коррелирующих с показателями живой массы, а также функциональные гены-кандидаты, отвечающие за рост скелетных мышц, формирование костного каркаса, липидный и углеводный метаболизм.

Для более точного понимания генетической структуры популяции, а также достижения генетического улучшения путем изучения ассоциаций в масштабах всего генома, геномной селекции и анализа количественных характеристик необходима панель из как можно большего числа SNP (И.Ф. Горлов и др., 2019). Только тогда информация, предоставляемая плотными чипами SNP, сможет помочь пониманию генетической структуры и недавних эволюций домашних видов животных. (J.W. Kijas et al., 2012) провели исследования с использованием 17 маркеров у 467 особей шести пород овец (Криула, n=300; Бергамация, n=24; Корридейл, n=28; Пантанейра, n=50; Рабо Ларго, n=20; Санта-Инес, n=45). Всего лишь два SNP-маркера не дали последовательных результатов и были исключены. Остальные маркеры затем использовались в тестах распределения по породной принадлежности, каждая из которых была эффективно обособлена. Единственными исключениями были Пантанейра и Криула, сгруппированные вместе, по причине очень тесной генетической связи, и вероятнее всего должны быть классифицированы как два экотипа одной и той же породы. Поэтому для сертификации пород животных и идентификации их субпродуктов возможно использование даже сокращенной панели.

H. Dadi et al. (2012), используя набор для генотипирования SNP50 крупного рогатого скота (>50 000 зондов) провели исследования генетической изменчивости между основной коренной породой Ханву и другими породами Кореи. Было обнаружено семь SNP, характерных только для породы Ханву и отсутствующих в геноме других пород, что можно применять для определения породности животных.

L. Jiang et al. (2010) проводили полногеномный поиск ассоциаций для идентификации генов, влияющих на признаки молочной продуктивности, с использованием современной технологии генотипирования SNP, т. е. чипа

Illumina BovineSNP50 BeadChip. Авторы анализировали пять наиболее часто оцениваемых характеристик молочной продуктивности, включая удой, выход молочного жира и белка, процент молочного жира и белка. Исследование выявило 105 геномно-значимых SNP для признаков молочной продуктивности в популяции китайского молочного скота, большинство из этих SNP (86 из 105) расположены в ранее описанных областях QTL, а некоторые – внутри или рядом с указанными генами-кандидатами.

S. Sorbolini et al. (2015) предполагают, что с помощью метода генотипирования SNP-чипа можно идентифицировать области генома, подвергшиеся отбору (естественному или искусственному), и обнаружить ассоциации между признаками, представляющими экономический интерес, и генами, присутствующими в этих областях. У крупного рогатого скота в большинстве исследований сравнивались породы с разной продуктивностью, например, молочные и мясные породы (B.J. Hayes et al., 2009), чтобы выявить признаки селекционного разведения (G. Mancini et al., 2014). Как и следовало ожидать, для пород разного направления продуктивности выделены гены, которые оказывают огромное влияние на фенотипы (т.е. *DGAT1* или *ABCG2* – для молочного скота и *MSTN* – мясного скота соответственно).

В свиноводстве с использованием ДНК-чипа GGP-Porcine HD выполнено генотипирование свиней пород крупная белая, ландрас и дюрок по более чем 60 тыс. SNP. Выявлены шесть ДНК-маркеров, ассоциированных с экономически-важными признаками: многоплодием (*ESR1*), мясными и откормочными качествами (*IGF2*), устойчивостью к стрессам (*Ryr1* и *DMD*) и диарее (*ECR F18/FUT1* и *MUC4*) (Н.А. Зиновьева и др., 2018).

А.А. Траспов и др. (2020) при помощи ДНК-чипов PorcineSNP60K BeadChips генотипировали 48 хряков крупной белой породы селекционно-гибридного центра «Знаменский» Орловской области, с дальнейшим проведением ассоциативного поиска генов и геномных регионов, отвечающих за пороки и недостатки развития. Было найдено 24 единичных нуклеотида, расположенных в генах, ассоциированных с развитием аномалий

у свиней. Проведенные исследования в дальнейшем смогут помочь исключить из селекционного процесса животных-носителей данных аномалий, которые возможно фенотипически не проявляются.

Как видно из вышеизложенного, в настоящее время темпы разработки молекулярных маркеров огромны, и эта тенденция говорит о том, что в ближайшем будущем бурный рост развития маркеров продолжится. Очевидно, что молекулярные маркеры будут продолжать служить потенциальным инструментом для генетиков и селекционеров, чтобы оценить существующий генетический потенциал и манипулировать им, для создания животных с необходимыми продуктивными параметрами, которые будут востребованными у скотозаводчиков. Маловероятно, что эти передовые молекулярные технологии заменят «традиционные» методы генетического улучшения. Вместо этого они, вероятно, начнут постепенно включаться в текущие программы разведения, которые эффективно используют классические методы улучшения для достижения конкретных целей.

Таким образом, для успешного использования молекулярных технологий, внесения позитивного вклада в устойчивое животноводство необходима совместная стратегия, направленная на генетический прогресс, а также на сохранение, преодолевающая все препятствия в применении молекулярно-генетических методов для повседневного использования в целях улучшения ресурсов продуктивности животных.

1.2.1 Использование молекулярно-генетических маркеров в овцеводстве

Проблема совершенствования и рационального использования племенных ресурсов в овцеводстве является актуальной и требует использования новых современных подходов для ее решения (М.Б. Улимбашев и др., 2018; E.M. Ibeagha-Awemu et al., 2019).

В условиях быстро изменяющихся производственных и технических технологий традиционные методы повышения качества баранины, включая различные селекционные приемы, а также улучшение способов кормления и переработки мяса (A. Buschulte et al., 2005), во многом исчерпали себя и их использование требует слишком многих затрат, либо приносит малые результаты. Поэтому для оценки потенциала овец необходимо использование новых инструментов, основанных на геномных технологиях, применение которых возможно сразу после рождения животных и не требующие их убоя (Н.А Зиновьева и др., 2018).

За последнее десятилетие достижения молекулярной генетики и биологии позволили расшифровать последовательности генома овцы, что открыло интересные возможности для изучения и понимания генетических факторов, влияющих на качество мяса ягненка (Т.Е. Денискова и др., 2021; I.F. Gorlov et al., 2021).

С развитием и использованием технологий генотипирования животных и методов идентификации генов было определено и аннотировано множество функциональных генов и генетических вариантов, связанных с экономически важными фенотипическими признаками, что дает возможность увеличения темпов генетического прироста животных. Количественные локусы хозяйственно-ценных признаков и исследование геномных ассоциаций играют важную роль в выявлении генов-кандидатов и характеристике животных (E.M. Ibeagha-Awemu et al., 2008).

Гены, связанные с ростом и живой массой у овец. Ассоциативный анализ с использованием однонуклеотидных полиморфизмов (SNP) является наиболее эффективным подходом к идентификации генетических маркеров, потенциально связанных с интересующими признаками. Рост и живая масса овец являются одними из важных экономических параметров, которые контролируются несколькими генами. Проведены исследования позволяющие идентифицировать и аннотировать функциональные гены, связанные с особенностями роста и развития овец.

Сообщается о генетических вариантах в гене миостатина (*MSTN*), связанных с мускулатурой и ростом у овец. Ген *MSTN* служит негативным регулятором роста и развития мышц, то есть мышечная масса увеличивается вдвое, когда функция *MSTN* ухудшается (J. Wang et al., 2016). Важно отметить, что «феномен двойной мускулатуры», наблюдаемый у разных видов животных, является результатом мутаций в *MSTN*, нарушающих его экспрессию, что приводит к резкому увеличению мышечной массы. Показано, что у овец однонуклеотидный полиморфизм (SNP) с.*1232G>A в области 3'UTR гена *MSTN*, снижает уровень циркулирующего миостатина примерно на треть, тем самым влияет на мускулатуру (E. Grochowska et al., 2019). Обнаружено, что вариации в некодирующих областях гена *MSTN* связаны с ростом мышц и качествами мяса у овец, что можно объяснить их влиянием на регуляторные элементы самого гена. В нескольких исследованиях сообщалось, что изменения в *MSTN* были связаны с увеличением массы скелетных мышц у овец и мясной продуктивностью (M. Farhadian and A. Hashemi, 2016; N.M. Osman et al., 2021). О.А. Яцык (2019) при изучении полиморфизма гена *MSTN* у мериносовых овец 3-х пород (джалгинский, советский и маньчжунский меринос) выявила превосходство особой желательного генотипа над сверстниками с нежелательными мутациями по убойным показателям в среднем на 10,3 %.

Идентифицирован ген гормона роста (*GH*), представляющий собой белковый гормон с одной полипептидной цепью, который синтезируется и секретируется эозинофильными клетками передней доли гипофиза у позвоночных (Т. Ikonen et al., 2001). Установлено, что ген *GH* ускоряет метаболизм и способствует росту органов и тканей, особенно костной и мышечной. Поэтому в последние годы все больший интерес вызывают исследования, изучающие структуру и функцию гена *GH* (J.L. Jia et al., 2014). Результаты работ зарубежных ученых показали связь между локусом *GH*, массой тела и длиной хвоста у овец породы Авасси (M. Bayraktar and O. Shoshin, 2022). S. Volormaa et al. (2016) включили ген *GH* овец в группу

локусов с плейотропным влиянием на состав тела у мясных пород. У овец породы Сарда полиморфизм *GH* был связан со среднесуточным приростом и содержанием белка в мышечной ткани (M.L. Dettori et al., 2018).

Выявлены генетические варианты в гене кальпаина (*CAPN*) у овец, которые связаны с нежностью мяса и характеристиками роста. Ген *CAPN* кодирует внутриклеточные активированные кальцием цистеиновые протеазы, участвующие в физиологических и патологических процессах; отвечает за ремоделирование белков, поддерживающих структуру скелетной мышцы (V. Montes et al., 2019; G. Gebreselassie, H. Berihulay, et al., 2020). Н. Chung и М. Davis (2014) выявили ассоциации SNP в гене *CAPN* с признаками роста у овец. Е. Grochowska et al. (2017) в своих исследованиях обнаружили достоверную ассоциацию ($P=0,039$) между генотипами *CAPN* и внутримышечным содержанием жира.

Обнаружены однонуклеотидные полиморфизмы в генах *MEF2B* и *TRHDE*, связанных с массой тела овец и обхватом груди (I. Abousoliman et al., 2021). *MEF2B* – это ген, который регулирует мышечный рост и развитие овец. Он входит в семейство генов фактора усиления миоцитов-2 (*MEF2*) у позвоночных животных. Ген *TRHDE* кодирует семейство пептидазы M1, и инактивирует нейропептидный тиреотропин-релизинг-гормон (А. Kominakis et al., 2017). Результаты исследований L. Zhang et al. (2016) свидетельствуют о том, что полиморфизмы в генах *MEF2B* и *TRHDE* могут ускорить показатели роста уджумчинских овец.

Как правило, все гены, обсуждаемые выше, прямо или косвенно играют значительную роль в росте клеток, эмбриональном развитии, дифференцировке мышечной ткани и нервной системы. Результаты, представленные в этих работах, потенциально могут привести к использованию генетических технологий для улучшения разведения овец в будущем.

Гены, связанные с мясными и жировыми качествами туши.
Качественный состав мяса туши считается важным фенотипическим

признаком, весьма полезным для человека. В мясной промышленности качеству мяса уделяется достаточно внимания. Состав жирных кислот является одним из факторов, определяющих эффективность качества мяса, поскольку он влияет на такие заболевания человека, как ожирение, диабет, неврологические и раковые заболевания. Кроме того, состав жирных кислот определяет твердость и цвет мяса, а также срок его годности (Е.Д. Карпова и др., 2022).

На развитие скелетных мышц влияют различные ферменты, одним из которых является *CAST* (кальпастатин). Ген *CAST* локализован в локусе 5q15 хромосомы 5 генома овцы (*Ovis aries*), является полиморфным для многих пород овец (М. Vozhilova-Sakova et al., 2020). У животных формирование мышечной массы требует высокой активности кальпастатина в мышцах, в то время как после забоя самая низкая активность кальпастатина способствует получению высококачественного постного мяса (С.Р.Л. Valencia et al., 2022). Кальпастатин играет центральную роль в регуляции активности фермента кальпаина в клетке и рассматривается как один из основных модуляторов белкового обмена, влияет на протеолиз миофибрилл и отвечает за посмертную деградацию миофибриллярных белков, регулирует деградацию белка, рост мышц, а также скорость и степень процессов в мясе после забоя – определяет скорость созревания мяса. В целом, ген *CAST* влияет на экономически важные признаки в соответствии с требованиями потребителей, такие как нежность и содержание влаги в мясе (Е. Casas et al., 2006). Этот ген связан как с увеличением веса, так и с качеством туши (М. I. Selionova et al., 2020). Выявлена ассоциация полиморфизма гена кальпастатина с показателями мясной продуктивности. Дегустационная оценка мяса баранов эдильбаевской породы показала, что баранина, полученная от животных АВ генотипа, имела более высокие органолептические показатели, по сравнению с генотипом АА. Генотип АВ гена *CAST* был установлен как желательный по мясным качествам эдильбаевской породы овец (Н.В. Широкова, 2020; Y. Kolosov et al., 2021).

Исследование китайских ученых показало четкую корреляцию между *CAST* и различием показателей качества мяса у разных видов овец ($P < 0,05$), что указывает на возможность использования гена *CAST* в качестве молекулярного маркера для повышения качества мяса китайских овец (H. EEr et al., 2020). *CAST* можно рассматривать как потенциальный ген-кандидат для контроля развития домашнего скота (M. Bozhilova-Sakova, 2021).

Регулирующую функцию в отношении массы тела овец, потребления корма, роста и метаболической активности выполняет ген *LEP* (лептин). Ген *LEP* является возможным кандидатом для изучения ассоциации с признаками туши. Гормон лептин вырабатывается жировой тканью и играет важную роль в регуляции массы тела у млекопитающих, контролируя энергетический баланс. Тем самым ген *LEP* влияет на потребление пищи, что, в свою очередь, оказывает воздействие на параметры живой массы и качества туши (A. Nascimento et al., 2018). Изучена взаимосвязь однонуклеотидных полиморфизмов гена *LEP* с размерами курдюка у овец породы макуэй. Эти результаты также показывают, что ген лептина участвует в долгосрочной регуляции массы тела (A. Najihosseino et al., 2012; A. Najihosseino et al., 2015). Проведены исследования по обнаружению связи между полиморфизмом гена *LEP* и среднесуточным приростом белуджских овец (M. Tahmoorespur et al., 2009).

Для отбора животных, производящих постное мясо важно определить гены, которые участвуют в синтезе жира. В качестве потенциальных генов-кандидатов для определения признаков туши рассматриваются гены, принимающие участие в метаболизме жирных кислот. Ген *DGAT1* кодирует фермент-катализатор реакции между диацилглицерином и ацил-КоА. Эта реакция является заключительным этапом в синтезе триглицерида, основного компонента жира. Следовательно, фермент, кодируемый *DGAT1*, регулирует уровень триглицеридов в адипоцитах и участвует в энергетическом гомеостазе (H. Mohammadi et al., 2013). В гене *DGAT1* были обнаружены

различные SNP, которые могут влиять на синтез некоторых жирных кислот и изменять липидный профиль мяса (С. Esteves et al., 2019). Сообщалось, что полиморфизм в экзоне 16-17 ($DGAT1=AluI$) связан с признаками туши у нескольких пород овец (Q. Xu et al., 2009).

Полиморфизмы в вышеперечисленных генах оказывают определенное воздействие на производство высококачественного мяса, которое необходимо потребителям.

Гены, связанные с признаками фертильности овец. Такие признаки фертильности, как частота овуляции, размер помета, общее количество рожденных ягнят, возраст первого ягненка, мертворождение и возраст первого полового созревания, оказывают существенное влияние на экономику овцеводческой отрасли. Из них первые два параметра являются наиболее важными и имеют высокие экономические ценности (Н.У. Chen et al., 2015). Признаки плодовитости или фертильности у овец генетически регулируются различными генами с разным эффектом. Исследование GWAS выявило гены, связанные с размером помета, частотой овуляции и стерильностью у овец разных пород. Эти гены включают рецептор костного морфогенетического белка *IB* (*BMPRI3*), костный морфогенетический белок 15 (*BMP15*) и фактор дифференцировки роста 9 (*GDF9*) (S.M. Galloway et al., 2000; C.J.H. Souza et al., 2001; J.P. Hanrahan et al., 2004). *BMPRI3* влияет на уровень овуляции и размер помета, в то время как *BMP15* вместе с *GDF9* играет значительную роль в формировании фолликулов. Кроме того, *BMP15* влияет на клетки гранулезы, теки-клетки и яйцеклетки, в то время как *GDF9* регулирует развитие фолликулов яичников. Ген *GDF9* представляет собой белок, относящийся к семейству TGF- β , необходимый для общего процесса фолликулогенеза, оогенеза и овуляции и, играющий важную роль в фертильности самок (К.Р. McNatty et al., 2005). Китайские овцы хана, несущие мутации в генах *BMPRI3* и *BMP15*, имели больший размер помета, чем те, у которых была только одна мутация (М.Х. Chu et al., 2007). У французских и польских овец полиморфизм гена *BMP15* связан с размером

приплода и скоростью овуляции (J. Demars et al., 2013). Авторы F.Wang et al. (2021) обнаружили мутации в кодирующей области гена *GDF9*, связанные с размером помета у овец. Z.A. El Fiky et al. (2017) выявили полиморфизм в гене *GDF9* (экзон 1), приводящий к рождению двоен.

Таким образом, мутации в генах, связанных с воспроизводительными качествами можно рассматривать как эффективные генетические маркеры для улучшения размера приплода у овец.

Гены, связанные с молочной продуктивностью овец. Молоко является одним из наиболее важных продуктов питания, производимого животными для человека. Общеизвестные характеристики молока включают удой, молочный белок и жир, процентное содержание казеина и лактозы. Производственный потенциал этих признаков в основном контролируется факторами окружающей среды и действиями отдельных генов. Молекулярно-генетическими исследованиями выявлены гены, отвечающие за молочную продуктивность овец.

Ген *POU1F1* (также называемый *PIT-1* или *GHF-1*) является членом семейства транскрипционных факторов POU, необходимый для конечной дифференцировки соматотропных, лактотропных и тиреотропных типов клеток, также участвующий в росте клеток и предотвращающий их апоптозную. Экспрессия *POU1F1* в значительной степени ограничена в гипофизе в соматотирео- и лактотропных клетках, но этот фактор также экспрессируется в некоторых экстрагипофизарных тканях и клеточных линиях, включая молочную железу, что позволяет рассматривать его в качестве хорошего гена-кандидата для маркерной селекции. У овец породы Сарда идентифицирован полиморфизм гена *POU1F1* и обнаружена связь с признаками молочной продуктивности (M.C. Mura et al., 2012). Полиморфизмы гена *POU1F1* в значительной степени связан с выработкой молока у турецких пород овец (O. Ozmen et al., 2014).

Кроме того, полногеномный поиск ассоциаций и сканирование всего генома выявили гены, связанные с особенностями молока у разных других

пород овец. Эти гены включают пальмельфин (PALMD) у итальянских овец и альфа-лактальбумин (LALBA) у испанских овец Чурра (С. Lazăr et al., 2020).

Гены, ответственные за проявление фенотипических признаков.

Важность овечьей шерсти в текстильной промышленности привело к обширным исследованиям ее структуры и изучению генов, ответственных за формирование шерстного руна. Белки, ассоциированные с кератином шерсти (KAP), являются ключевым структурным компонентом шерстяного волокна. Характеристика генов, кодирующих эти белки, быстро развивается с достижениями молекулярной генетики, при секвенировании нуклеотидов (V. Lushnikov and A. Strilchuk, 2022). Овечья шерсть является одним из источников дохода производителей и играет значительную роль в мировом сельском хозяйстве. Главными признаками, определяющими качество шерсти овец, считаются диаметр волокна, длина штапеля, тонины и выход мытой шерсти. В последние годы сообщалось о нескольких генах-кандидатах и молекулярных вариантах, связанных с признаками овечьей шерсти: кератин-ассоциированный белок (KAP) и фоллистатин (FST) входят в число этих генов (G. Gebreselassie et al., 2019; 2020). Ген *FST* имеет взаимосвязь с диаметром шерстного волокна у китайских мериносовых овец (G.-W. Ma et al., 2017). *FST* у овец – это относительно небольшой ген, состоящий из шести экзонов, расположенных на хромосоме 16, одноцепочечный гликопротеин, структурно не связанный с ингибином и активином. У китайских овец при проведении ПЦР-исследования также были обнаружены генетические варианты в генах белка, ассоциированного с кератином (KAP6.1, KAP8.1, KAP8.2, KRTAP9-2 и KAP16.4), связанные с качеством шерсти (R. Bharathesree et al., 2019). Семейство генов кератина регулирует функцию шерсти и развитие волосяных фолликулов. Как гены *KAP*, так и гены *FST* могут быть использованы для селекции с помощью маркеров и программы разведения овец. Цвет шерсти является одним из наиболее важных признаков, помогающих идентифицировать породу овец. Изменение цвета

шерсти определяется биохимической функцией, распределением и доступностью феомеланина и пигментов эумеланина. Феомеланин и эумеланин – это два разных типа меланина, ответственных за образование пигмента. Феомеланин производит красный и желтый цвета, в то время как эумеланин – черный и коричневый. На цвет шерсти влияет ряд генов, участвующих в различных стадиях пигментации (то есть меланогенезе). На сегодняшний день идентифицированы различные гены и генетические варианты, влияющие на цвет шерсти (L. Fontanesi et al., 2011). Сигнальный белок Agouti (*ASIP*), рецептор меланокортина 1 (*MC1R*), фактор транскрипции, индуцирующий меланоциты (*MITF*), белок, связанный с тирозиназой-1 (*TYRP1*) входят в число генов, связанных с изменением цвета шерсти. Из них гены *ASIP* и *MC1R* играют значительную роль в определении изменения цвета шерсти у овец. *ASIP* обладает антагонистической функцией с *MC1R* в отношении процесса пигментации. Он влияет на пигментационную активность, блокируя взаимодействие рецепторов α -MSH и вызывает переключение пигментного типа с эумеланина на феомеланин. В исследовании GWAS сообщалось о полиморфных вариантах в гене *MC1R* у креольских и китайских овец (G. Gebreselassie et al., 2020). Полногеномный ассоциативный анализ выявил генетические варианты в гене *ASIP* у дубийских, приворских и финских пород овец (L. Fontanesi et al., 2012). Ген *RXFP2* (*RXFP2*, релаксин/инсулиноподобный), влияет на фенотип рога. Полиморфизм этого гена связан с комолостью у овец (N. Wiedemar and C. Drögemüller, 2015; Z. Pan et al., 2018). В отличие от *RXFP2*, гены кластера метаксина 2 (*MTX2*) и гомеобокса (*HOXD*, *HOXD9* и *HOXD3*) влияют на фенотип рогатости у овец, оба гена отвечают за существование рогов и определяют их количество (X. He et al., 2016). Фенотипический признак рогатости обнаружен у африканских, европейских и азиатских пород овец (J.W. Kijas et al., 2016).

Разработка доступных технологий генотипирования и программного обеспечения для анализа больших данных вносит значительный вклад в

понимание генетических механизмов и генетической предыстории различных фенотипических признаков у овец. Идентификация и характеристика генов-кандидатов и аллельных вариантов, связанных с экономически хозяйственными фенотипическими признаками, имеет важное значение в животноводстве. Ряд генов и молекулярных вариантов связаны с различными фенотипическими признаками у овец, некоторые из них оказывают влияние более чем на один признак. Программы генетического совершенствования, основанные на подробной генетической информации идентифицированных генов, связанных с интересующими признаками, помогут повысить производственный потенциал и продуктивность домашних животных. Таким образом, прибыль и рентабельность в овцеводческих организациях, а также отраслей по переработке продукции овцеводства могут возрасти в разы. Поэтому так важно проведение дальнейших исследований геномных областей и родственных генов, связанных с экономически важными признаками.

2. МАТЕРИАЛ И МЕТОДИКА ИСЛЕДОВАНИЙ

2.1 Природно-климатические условия локализации исследуемых животных

Экспериментальная часть исследований проводилась на опытной станции Всероссийского научно-исследовательского института овцеводства и козоводства – филиала ФГБНУ «Северо-Кавказский научный аграрный центр», п. Цимлянский Шпаковского района Ставропольского края в период с 2018 по 2021 гг.

Опытное подразделение находится в VI агроклиматической зоне Ставропольского края. Эта зона характеризуется умеренно-влажным климатом, особенность которого определяет быстрое увеличение температуры весной и медленное ее снижение осенью. Неблагоприятным фактором климата являются восточные и юго-восточные ветра, вызывающие бури и суховеи (ветер преобладает 360 дней в году). Лето жаркое, среднемесячная температура воздуха составляет +20+25°C (атмосферные засухи часто повторяются, и за летний период их насчитывается в пределах 60 дней). Три месяца в году имеют среднюю температуру воздуха ниже 0°C, но и в данный период наблюдаются оттепели. Снежный покров появляется в конце ноября - начале декабря, его сход происходит в конце марта - начале апреля (период со снежным покровом и с температурой воздуха ниже 0°C составляет в пределах от 90 до 95 дней). С середины апреля устанавливается безморозный период продолжительностью от 175 до 180 дней. Осадков выпадает 550-600 мм в год, причём 70 % их приходится на период вегетации, в основном преобладают осадки летнего периода, большая часть которых испаряется от высоких температур летнего времени и от воздействия ветров-суховеев.

По природно-сельскохозяйственному районированию земельного фонда России территория опытного подразделения расположена в

предкавказской степной и лесостепной зоне. Почвы чернозёмного типа, с преобладанием солонцеватых черноземов, залегающих обычно в комплексе с солонцами. Опытное подразделение расположено в зоне разнотравных степей на склоне Ставропольской возвышенности, высота над уровнем моря составляет 350-600 м. Природные сенокосы и пастбища представлены разнообразием растительных группировок и, как правило, размещаются на пахотонепригодных площадях. Травянистая растительность в основном представлена подорожником, мышиным горошком, горицветом, полынью, пионом темнолистным, шалфеем, типчаками и другими. Естественные пастбища для овец являются основным источником корма в летний пастбищный период, который длится с апреля по ноябрь. Вегетация трав естественных угодий начинается примерно с 27-29 марта, урожайность естественных кормовых угодий составляет 4,2-8,3 ц/га.

Ботанический состав опытной станции представлен в виде травосмесей: (житняк + пырей + люцерна + эспарцет), (кострец + пырей + люцерна + эспарцет), (кострец + пырей + житняк + люцерна + эспарцет), который в основном удовлетворял по своей питательности потребность овец в кормах в пастбищный период.

Объектом исследования являлся молодняк мясо-шерстных овец (ярки) генотипа $\frac{1}{2}$ полл дорсет x $\frac{1}{2}$ северокавказская мясо-шерстная (n=91). Животные находились в аналогичных условиях кормления и содержания в период проведения экспериментальных исследований.

Начиная с 1 месяца, ягнята получали подкормку в виде концентрированных кормов (60 г/голову в сутки); в 2 месяца объем концентратов увеличился до 150 г/голову; в 4 месяца молодняк овец выпасался на естественных и искусственных сеяных пастбищах и получал концентраты в виде смеси (ячмень + пшеница + овес) – 500 г/голову в сутки.

Кормление осуществлялось в соответствии с принятыми стандартами (А.В. Скокова, 2013) (таблица 1).

Таблица 1 – Рацион кормления молодняка мясо-шерстных овец в возрасте от 6 до 10 месяцев

Показатели	Количество
Сено разнотравное, кг	1,3
Концентраты (ячмень+пшеница+овес), кг	0,5
Соль поваренная, г	8,0
Содержится в рационе: корм. единиц	1,5
обменной энергии, МДж	15,2
сухого вещества, кг	1,58
сырого протеина, г	179,0
переваримого протеина, г	118,0
кальция, г	8,0
фосфора, г	4,6
серы, г	2,4
магния, г	1,48
меди, мг	8,03
железа, мг	249,0
кобальта, мг	0,6
цинка, мг	38,4
йода, мг	0,37
марганца, мг	48,9
каротина, мг	21,9

Все животные были клинически здоровы. Условия содержания исследуемого поголовья в период выращивания соответствовали зоотехническим нормам и зоогигиеническим требованиям к животноводческим помещениям.

Общая схема исследований изображена на рисунке 1.

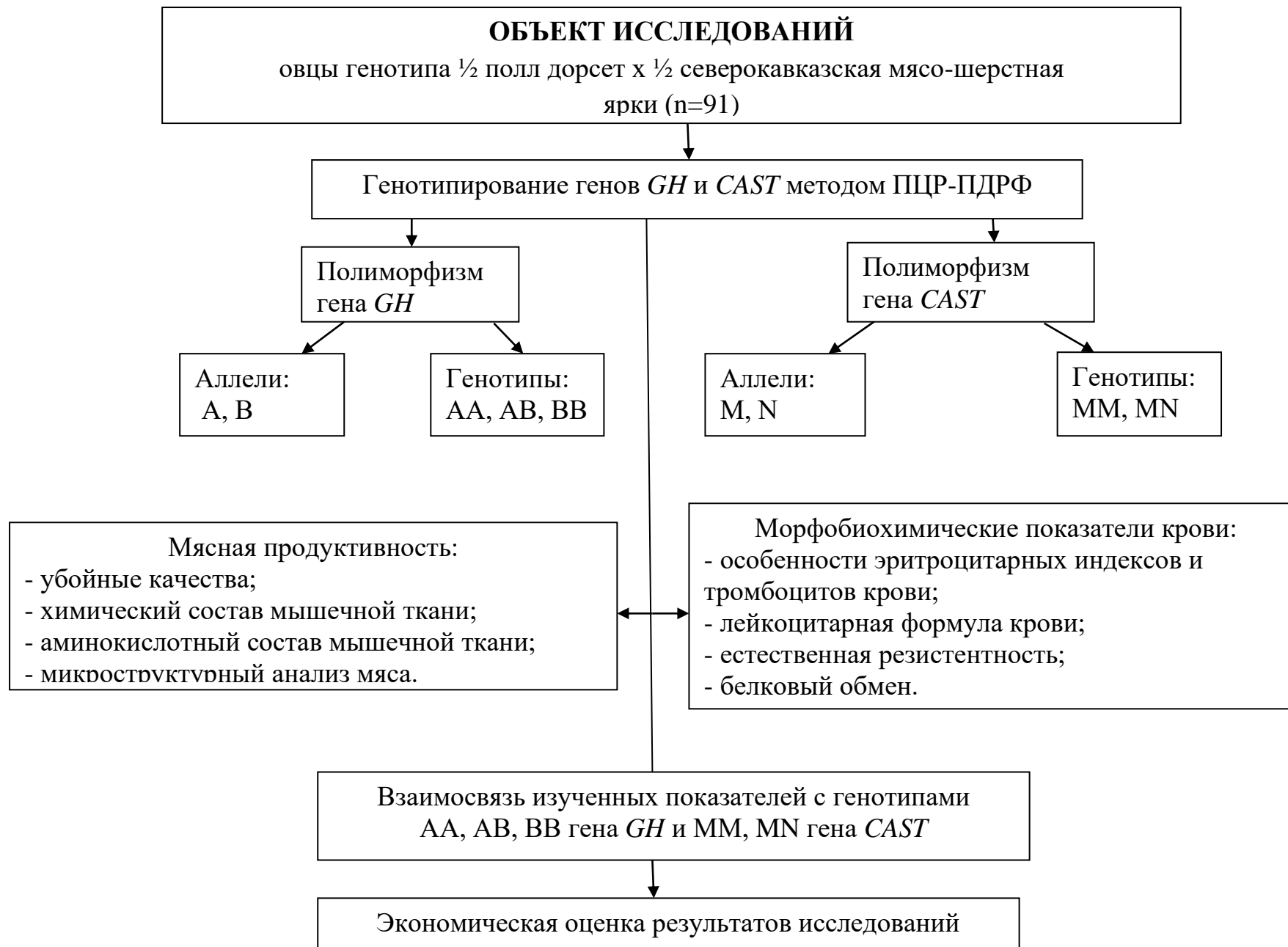


Рисунок 1 – Общая схема исследований

2.2 Методика генотипирования

Биологическим материалом для генотипирования являлись образцы крови, собранные из яремной вены ягнят, в возрасте 1 месяца, в закрытые системы забора крови S-Monovette (объем 4,9 мл) с антикоагулянтом ЭДТА, производства SARSTEDT (Германия). Лабораторные исследования проводились во ВНИИОК – филиале ФГБНУ «Северо-Кавказский ФНАЦ» лаборатории иммуногенетики и ДНК-технологий.

Биологическим материалом для лабораторных исследований являлась ДНК, извлеченная из образцов крови ягнят с помощью набора реагентов «DIAtom tmDNA Prep» (IsoGeneLab, Москва) согласно прилагаемой инструкции. Определение полиморфных вариантов генов *GH* и *CAST* осуществляли методом ПЦР-ПДРФ. Реакцию амплификации проводили с помощью набора «GenPakPCRCore» (IsoGeneLab, Москва) на программируемом четырехканальном термоциклере «Терцик» (Москва).

В качестве праймеров использовались следующие нуклеотидные последовательности для амплификации участков гена кальпастина (*CAST*): F: 5'-TGGGGCCCAATGACGCCATCGATG-3' R: 5'-GGTGGAGCAGCACTTCTGATCACC-3' (ампликационный фрагмент – 622 п. н.).

Рестрикцию амплифицированного фрагмента осуществляли с помощью набора реагентов эндонуклеаз рестрикции MspI производителя ООО «СибЭнзим» (г. Москва) согласно инструкции производителя фермента и анализировали методом электрофореза в 2%-ном агарозном геле, окрашенном бромистым этидием. Детекцию результатов осуществляли с помощью системы гель-документации. При наличии сайта рестрикции образуются два фрагмента длиной 336- и 286 п.н., что соответствует аллелю М, при отсутствии сайта (указывает на аллель N) – длина фрагмента остается без изменения (622 п.н.). Определены генотипы, представленные

рестрикционными фрагментами: для генотипа MM (336, 286 п.н.); генотипа MN (622, 336, 286 п.н.); для генотипа NN (662 п.н.).

В качестве праймеров использовались следующие нуклеотидные последовательности для амплификации участков гена гормона роста (*GH*): F: 5'-GAAACCTCCTTCCTCGCCC - 3' R: 5'-CCAGGGTCTAGGAAGCCACA - 3' (амплификационный фрагмент - 934 п. н.). Рестрикцию амплифицированного фрагмента осуществляли с помощью набора реагентов эндонуклеаз рестрикции *NotI* производителя ООО «СибЭнзим» (г. Москва) согласно инструкции производителя фермента и анализировали методом электрофореза в 4%-ном агарозном геле, окрашенном бромистым этидием. Детекцию результатов осуществляли с помощью системы гель-документации. Наличие 10 сайтов рестрикции соответствовало аллелю А, 11 – аллелю В. Определены генотипы, представленные рестрикционными фрагментами: десятью – для генотипа AA (277, 202, 110, 100, 94, 68, 49, 22, 8 и 4 п.н.); одиннадцатью – генотипа BB (256, 202, 110, 100, 94, 68, 49, 22, 21, 8 и 4 п.н.); двенадцатью – для генотипа AB (277, 256, 202, 110, 100, 94, 68, 49, 22, 21, 8 и 4 п.н.) (таблица 2).

Таблица 2 – Условия проведения амплификации для генов *GH* и *CAST*

Ген	Соматотропин (<i>GH</i>)			Кальпастатин (<i>CAST</i>)		
	Т°С	Время	Число циклов	Т°С	Время	Число циклов
Денатурация	95	5 мин	1	95	4 мин	1
Отжиг	95	45 сек	33	94	45 сек	35
	60	45 сек		62	45 сек	
	72	45 сек		72	45 сек	
Элонгация	72	10 мин	1	72	7 мин	1

2.3 Методика гематологических и биохимических исследований

Лабораторные исследования морфологического состава крови проводили на базе научно-диагностического и лечебно-ветеринарного центра ФГБОУ ВО Ставропольский ГАУ, на гематологическом анализаторе Mythic 18 (фирма-производитель CORMY). Лабораторные исследования биохимического состава крови осуществлялось в лаборатории ветеринарной медицины ВНИИОК – филиала ФГБНУ «Северо-Кавказский научный аграрный центр». Образцы крови отбирали у исследуемых животных в 4- и 10-месячном возрасте. Отбор крови осуществляли из яремной вены в утренние часы до кормления в закрытые системы S-Monovette® (SARSTEDT), с использованием антикоагулянта ЭДТА – для гематологических исследований, с ускорителем свертывания крови – для биохимических исследований.

T- и B-лимфоциты в периферической крови определяли, используя микро метод образования E-розеток (E-РОК и EAC-РОК), в соответствии с методическими рекомендациями Г. Фримеля (1987).

Биохимический состав крови определяли путем применения следующих методик: уровень общего белка в сыворотке крови учитывали по изменению величины рефракции в зависимости от количества белков на рефрактометре RL (POLAND); его фракционный состав оценивали фотонейфелометрическим методом, основанным на изменении оптической плотности сыворотки крови при добавлении фосфатного буфера различной концентрации; активность трансаминаз (АСТ, АЛТ), концентрацию креатинина – набором реактивов «Lachema»; содержание мочевины – «ДИАХИМ-МОЧЕВИНА».

Показатели естественной резистентности: лизоцимную активность сыворотки крови (ЛАСК) и бактерицидную активность сыворотки крови (БАСК) оценивали на основе использования методических рекомендаций СНИИЖК (2013). Концентрацию БАСК определяли по изменению

оптической плотности мясо-пептонного бульона при росте в нем кишечной палочки, серовариант O_2 с добавлением испытуемой сыворотки и без нее; уровень ЛАСК учитывали по изменению оптической плотности среды в результате способности лизоцима крови лизировать тест – культуру *Micrococcus Lisodecticus* в 0,9 % растворе хлорида натрия (в качестве лизоцима применяли стандартный порошок культуры *Micrococcus Lisodecticus*, штамм 2665).

2.4 Генетико-статистический анализ

Вычисления производили по формулам, изложенным в методике Л.В. Ольховской и др. (2007).

Частоту встречаемости генотипов определяли по формуле:

$$P = n/N,$$

где P – частота генотипа; n – количество особей, имеющих определенный генотип; N – общее число особей.

Частоту отдельных аллелей определяли по формуле:

$$q_A = (2n_{AA} + n_{AB})/2N,$$

$$q_B = (2n_{BB} + n_{AB})/2N, \quad (2)$$

где q_A – частота аллеля А; q_B – частота аллеля В; N – общее число аллелей.

Основные характеристики генетической структуры исследованных популяций рассчитывали по формулам:

Наблюдаемая гетерозиготность (H_o)

$H_o = N/n$, где H_o – наблюдаемая гетерозиготность, N – число гетерозигот, n – объем выборки.

Ожидаемая гетерозиготность (H_e)

$H_e = 1-(p^2+q^2)$, где H_e – ожидаемая гетерозиготность, p – частота аллеля А, q – частота аллеля В.

Мера информационного полиморфизма (PIC)

$PIС = 1 - \sum(P_i)^2$, где $PIС$ – мера информационного полиморфизма;
 P_i – частота встречаемости i -ой аллели.

Степень гомозиготности (Ca), %

$Ca = \sum p^2 * 100$, где Ca – коэффициент гомозиготности (%), p – частота данного аллеля.

Уровень полиморфности (Na)

$Na = 1/Ca$, где Na – уровень полиморфности локуса; Ca – уровень гомозиготности в локусе.

Степень генетической изменчивости (V), %

$V = 1 - Ca/1 - N/1 * 100$, где V – степень генетической изменчивости, N – количество обследованных животных, Ca – коэффициент гомозиготности.

Тест гетерозиготности ($TГ$)

$TГ = Ho - He$, где $TГ$ – тест гетерозиготности; Ho – наблюдаемая гетерозиготность; He – ожидаемая гетерозиготность

Индекс фиксации (Fis)

$Fis = 1 - (Ho/He)$, где Fis – индекс фиксации, Ho – наблюдаемая гетерозиготность; He – ожидаемая гетерозиготность.

Статистический анализ результатов исследований осуществляли в соответствии с методиками, предложенными Н.А. Плохинским (1980), Е.К. Меркурьевой (1970) с применением компьютерных программ BioStat, Excel, на основании вычисления средних величин и их ошибки, числовые показатели учитывали методом критерия Стьюдента-Снедекора.

2.5 Продуктивные показатели и методы их исследования

Особенности роста и развития, формирование мясной продуктивности животных оценивали путем динамики живой массы, среднесуточного прироста, промеров статей экстерьера, вычисления индексов телосложения, контрольного убоя, микроструктурного анализа мяса, морфологического,

сортового, химического, аминокислотного состава мышечной ткани в соответствии с методиками исследований, рекомендованными СНИИЖК.

Динамику живой массы устанавливали по результатам индивидуального взвешивания овец в 1-, 4-, 6-, 8- и 10-месячном возрасте (с точностью до 0,5 кг).

Особенности телосложения оценивали на основании измерения промеров в возрасте четырех и восьми месяцев (высота в крестце, высота в холке, косая длина туловища, ширина груди, глубина груди, обхват груди, обхват пясти, ширина в маклоках). Для более детального анализа степени развития животных, на основании промеров статей экстерьера вычисляли индексы телосложения: длинноногости, сбитости, грудной, тазо-грудной, растянутости, перерослости, массивности, костистости.

Изучение мясной продуктивности предусматривало проведение контрольного убоя исследуемых животных в возрасте восьми месяцев, который осуществлялся согласно методическим рекомендациям СНИИЖК (2009). Убой животных для исследований проводили в соответствии с Директивой 2010/63/EU ЕВРОПЕЙСКОГО ПАРЛАМЕНТА И СОВЕТА ЕВРОПЕЙСКОГО СОЮЗА по охране животных, используемых в научных целях. В ходе исследования изучались следующие параметры: живая масса перед убоем, масса парной туши, масса внутреннего жира, убойная масса, убойный выход, сортовой и морфологический состав туш. Интерьерные признаки – массы желудка без содержимого, массы внутренних органов (печень, почки, лёгкие с трахеей, сердце, селезёнка), массы выделенной крови, длины тонкого и толстого отделов кишечника; площадь «мышечного глазка» (см²) – измерением на осветленной бумаге отпечатка среза длиннейшей мышцы спины между последним грудным и первым поясничным позвонками.

Изучение морфологического состава мышечной ткани оценивали на основании проведения обвалки туш, с учетом сортовой принадлежности мяса в соответствии с действующим ГОСТом Р - 52843-2007 «Овцы и козы для

убоя». Баранина, ягнятина и козлятина в тушах», с учетом выяснения соотношения мякоти к костям, расчетом коэффициента мясности.

Для исследования химического состава (влага, белок, жир, зола), биологической ценности мышечной ткани (по уровню химических компонентов, соотношению аминокислот) проводили отбор проб мяса с длиннейшей мышцы спины.

Для гистологических исследований был отобран биологический материал (мышечная ткань) от туш изучаемых животных. После прекращения фибрилляции мышечных волокон, то есть через 45-60 минут после убоя животного вырезался образец величиной 2х3 см на уровне шейки последнего правого ребра в средней части длиннейшего мускула спины (*m. longissimus dorsi*) в поперечном и продольном направлении. Фиксацию образцов мышечной ткани проводили 10 % нейтральным формалином. Срезы в поперечном и продольном направлении, толщиной 2 мкм готовили на санном микротоме. Для обзорного просмотра гистосрезы окрашивали гематоксилин-эозином по методике Эрлиха, И.И. Дмитрик, соединительную ткань – по методике Ван-Гизона, жировую ткань – суданом. Окрашенные гистосрезы фиксировали под покровное стекло клеем на основе желатина и подвергали микроскопическому исследованию при помощи биологического микроскопа Биомед С-1 при увеличении окуляра на $\times 10$ и объектива на $\times 4$, $\times 10$ и $\times 40$. Микрофотосъемку гистологических препаратов проводили с использованием фотокамеры Canon Power Shot A 460 IS. Фотосъемку микропрепаратов проводили с помощью цифровой камеры (видеоокуляр) Scopetek DCM510 для микроскопа. Обработку полученных снимков проводили с помощью приложенной программы Score Photo.

Экономическую эффективность разведения молодняка мясо-шерстных овец в зависимости от генотипов генов GH и CAST рассчитывали по следующим показателям: выход продукции (баранины в тушках), затраты на содержание животных с учетом генотипирования, прибыль в денежном выражении, уровень рентабельности.

3. РЕЗУЛЬТАТЫ ИССЛЕДОВАНИЙ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ

В данном разделе изложены результаты научных исследований, отразившиеся в следующих работах автора:

1. Скорых Л.Н. Полиморфизм гена соматотропина и его взаимосвязь с показателями роста у мясо-шерстных овец / Л.Н. Скорых, **И.О. Фомина**, Д.В. Коваленко // Зоотехния. – 2020. – № 7. – С. 8-10.

2. Скорых Л.Н. Полиморфизм генов гормона роста (GH) и кальпастина (CAST) у мясошерстных овец / Л.Н. Скорых, **И.О. Фомина**, Е.С. Суржикова, Д.В. Коваленко // Главный зоотехник. – 2020. – № 7. – С. 6-11.

3. Фомина И.О. Биотехнологические методы исследования полиморфизма генов соматотропина и кальпастина / **И.О. Фомина**, Л.Н. Скорых, Д.В. Коваленко // Сельскохозяйственный журнал. – 2020. – № 5. – С. 83-88.

4. Фомина И.О. Ассоциация полиморфизма гена CAST с показателями мясной продуктивности мясо-шерстных овец / **И.О. Фомина**, Л.Н. Скорых // Перспективные разработки молодых ученых в области производства и переработки сельскохозяйственной продукции: национальная научно-практическая конференция – Ставрополь: Ставропольский ГАУ, 2021. – С. 11-16.

5. Скорых Л.Н. Ассоциация однонуклеотидных полиморфизмов в гене соматотропина с показателями мясной продуктивности у мясо-шерстных овец / Л.Н. Скорых, **И.О. Фомина**, Д.В. Коваленко, С.С. Бобрышов // Ветеринария и кормление. – 2021. – № 2. – С. 45-48.

6. Фомина И.О. Исследование полиморфизма гена кальпастина у мясошерстных овец / **И.О. Фомина** // Вестник Ошского государственного университета. – 2021. – Т. 1. – № 2. – С. 476-482.

7. Скорых Л.Н. Ассоциация полиморфизма гена *GH* с показателями качества мяса у мясошерстных овец / Л.Н. Скорых, И.О. Фомина, А.В. Скокова, И.И. Дмитрик // Главный зоотехник. – 2022. – № 8. – С. 31–38.

3.1 Полиморфизм генов *GH* и *CAST* у мясо-шерстных овец

Аннотирование генов выполнено в геномном браузере Ensemble (www.ensembl.org). Идентификация обнаруженных однонуклеотидных замен в генах *GH* и *CAST* представлена в таблице 3.

Таблица 3 – Однонуклеотидные полиморфизмы в генах *GH* и *CAST*

SNP	Хромосома/ позиция (Oar_rambouillet_v1.0)	SNP по номенклатуре HGVS	Ген
rs397514071	11:14849876	с. 255 G>A	<i>GH</i> / 3 экзон
rs422618244	5:102036502	с.767+200G>A	<i>CAST</i> / 12-13 интрон

Замена rs397514071 в гене *GH* расположена в экзоне 3 на хромосоме 11, полиморфизм rs422618244 в гене *CAST* локализован в зоне интрона на хромосоме 5.

В результате молекулярно-генетического анализа с использованием ПЦР-ПДРФ у молодняка мясо-шерстных овец выявлены аллельные варианты генов соматотропина и кальпастина. Полиморфизм гена *GH* представлен А и В аллелями, *CAST* – М и N аллелями, соответственно. Частота встречаемости аллеля А гена *GH* оказалась на 4,1 % выше, чем аллеля В. Аллели М и N гена *CAST* характеризовались значительной разницей, в 15,6 раз, по частоте встречаемости.

По результатам распределения частот аллелей у животных были определены генотипы: три генотипа АА, АВ и ВВ для гена *GH*, два генотипа ММ и MN – для *CAST*. В исследуемой группе овец наибольшую частоту встречаемости по гену *GH* имел гетерозиготный генотип АВ (42,8 %),

гомозиготные особи *AA* и желательного *BB* генотипа встречались практически в одинаковых соотношениях (29,7 и 27,5 %). По гену *CAST* наблюдалась несколько иная картина распределения частот генотипов, где преобладающим был гомозиготный генотип *MM*, частота которого составила 87,9 %, с гетерозиготным *MN* вариантом оказалось 12,1 % ярок, особей с генотипом *NN* не выявлено (таблица 4).

Таблица 4 – Частота встречаемости аллелей и генотипов по генам *GH* и *CAST* у мясо-шерстных овец

Ген	Количество овец, гол	Частота встречаемости				
		Генотипов, %			Аллелей	
<i>GH</i>	91	<i>AA</i>	<i>AB</i>	<i>BB</i>	<i>A</i>	<i>B</i>
		29,7	42,8	27,5	0,51	0,49
<i>CAST</i>	91	<i>MM</i>	<i>MN</i>	<i>NN</i>	<i>M</i>	<i>N</i>
		87,9	12,1	-	0,94	0,06

В источниках литературы содержится достаточное количество информации об исследованиях на наличие полиморфизма генов *GH* и *CAST*. Так, N.V. Shirokova et al. (2021) при изучении генетической структуры популяции сальских овец, советского мериноса, ставропольской и волгоградской породы по указанным генам получили следующие результаты. По гену *GH* у всех популяций исследуемых животных было выявлено три генотипа: *AA*, *AB* и *BB* с разной частотой встречаемости. По гену *CAST* овец изучаемых пород, кроме советского мериноса, характеризовало наличие двух генотипов: *MM*, *MN*. У овец породы советский меринос было выявлено три генотипа: *MM*, *MN* и *NN*. Исследованиями других авторов были обнаружены два генотипа гена *CAST* с частотами 0,65 и 0,35 для генотипов *MN* и *NN* соответственно (K.I. Jawasreh et al., 2017).

У колумбийских креольских овец, скрещенных с домашними мексиканскими овцами генотип *MM* в локусе *CAST* был наиболее частым, за ним следовали два других генотипа, а частота встречаемости аллеля *M* превышала встречаемость аллеля *N* (9 %). Частота аллеля *A* оказалась выше,

чем В для локуса *GH*, и были обнаружены только генотипы АА и АВ, первый – самый частый (64 %) (С. Lenis-Valencia et al., 2021).

V. Iovenko et al. (2020) определяли уровень полиморфизма генов *GH* и *CAST* асканской овцы и одного из ее гибридов. Асканийские овцы и упомянутый гибрид характеризовались полиморфизмом *GH* и *CAST* локусов. *GH* был представлен двумя генотипами (АА, АВ), а *CAST* – тремя генотипами (АА, АВ, ВВ).

Исходя из анализа результатов генотипирования можно сказать, что для изучаемых овец характерны три генотипа гена *GH* (АА, АВ и ВВ) и два – гена *CAST* (ММ, МN). Большую частоту встречаемости имеет гетерозиготный генотип АВ гена *GH* и гомозиготный ММ гена *CAST*.

3.1.1 Показатели генетической структуры исследуемой популяции

Информация о частотах аллелей и генотипах генов *GH* и *CAST* была использована при расчете генетических параметров. Анализ полученных результатов представлен в таблице 4.

Таблица 4 – Показатели генетической структуры исследуемых животных

Показатель	<i>GH</i>	<i>CAST</i>
Количество гомозигот (n)	52	80
Количество гетерозигот (n)	39	11
Наблюдаемая (observed) гетерозиготность (H _o)	0,43	0,12
Ожидаемая (expected) гетерозиготность (H _e)	0,50	0,88
Мера информационного полиморфизма (PIC)	0,49	0,11
Степень гомозиготности (C _a), %	50,02	88,72
Уровень полиморфности (N _a)	1,99	1,13
Степень генетической изменчивости (V), %	55,50	12,53
Тест гетерозиготности (ТГ)	-0,07	-0,76
Индекс фиксации (F _{is})	+0,14	+0,86

Гетерозиготность (H) и величина информационного полиморфизма (PI) являются основными параметрами, применяемыми при оценке информативности генетических маркеров. Исходя из этого, в работе произведен расчет этих параметров и других сопутствующих величин.

Величина наблюдаемой гетерозиготности (H_o) по локусам генов GH и $CAST$ составила 0,43 и 0,12 соответственно. Значение ожидаемой гетерозиготности (H_e), обладающей меньшей чувствительностью к размеру выборки, по изучаемым локусам составило 0,50 и 0,88, что говорит о преобладании системы случайного скрещивания над инбридингом в данной популяции.

Значение информационного содержания полиморфизма (PI) обычно используется в качестве меры полиморфизма для маркерного локуса и зависит от частоты встречаемости и количества аллелей. Локус GH обладал средней полиморфностью, его величина составила 0,49, для локуса $CAST$ величина PI оказалась очень низкой и составила 0,11, что указывает на низкую частоту встречаемости редких аллелей.

Для оценки генетического разнообразия также используются такие показатели как степень гомозиготности (C_a) и уровень полиморфности локусов (N_a). Степень гомозиготности популяции говорит о количестве эффективных аллелей, уровень полиморфности – величина, обратная степени гомозиготности. В нашем опыте по локусу GH степень гомозиготности характеризовалась средней, а по локусу $CAST$ – высокой величиной. Значение N_a локуса GH составило 1,99, локуса $CAST$ – 1,13. Полученные данные говорят о практическом отсутствии уровня полиморфизма локуса $CAST$ и о низком количестве эффективных аллелей и генотипов и тем самым об уменьшении генетического разнообразия исследуемой популяции овец по данному гену.

Степень генетической изменчивости выражают через коэффициент V , который зависит от степени гомозиготности и количества обследованных животных. В нашем случае по локусу гена GH этот показатель составил

55,5 %, по гену *CAST* – 12,53 %. У алтайской горной породы для гена *CAST* была характерна более высокая степень генетической изменчивости 24,4 % (M.I. Selionova et al., 2020).

Тест гетерозиготности (ТГ) указывает на недостаток или достаток относительной гетерозиготности, полученной как разница между фактическими и теоретическими данными. Положительная величина ТГ говорит о превалировании фактической гетерозиготности над теоретической. Животные анализируемой популяции отличаются недостатком гетерозигот как по гену *GH*, так и по гену *CAST*, о чем свидетельствует показатель ТГ (-0,07 и -0,76). Относительный дефицит гетерозигот по изучаемым генам у исследуемой популяции видно также из данных по коэффициенту эксцесса (*Fis*). Отмечено отклонение наблюдаемой гетерозиготности от ожидаемой с правосторонним эксцессом (+0,14; +0,86). V.A. Rogodaev et al. (2020), при изучении генетических параметров помесных овец (калмыцкая х дорпер) получили несколько иные результаты для теста гетерозиготности: авторы выявили преимущество количества гетерозигот по гену *CAST* и их дефицит по гену *GH*.

Таким образом, анализ генетической структуры исследуемой популяции мясо-шерстных овец по генам *GH* и *CAST* показал значительный дефицит гетерозигот. Однако характеристика поголовья по уровню информационного полиморфизма указывает на его высокое значение для гена *GH* (0,49), что говорит об информативности этого маркера и использовании в целях дальнейшей селекции популяции.

3.2 Особенности роста и развития молодняка овец с различными генотипами генов *GH* и *CAST*

3.2.1 Динамика роста мясо-шерстных овец

Скорость роста ягнят является важным производственным признаком и отражает экономическую жизнеспособность животных, которая играет большую роль в процессе производства овец. Более быстрые темпы роста позволяют ягнтятам достигать зрелости в раннем возрасте.

Показатели роста животных зависят от многих факторов, таких как генетика, иммунный и физиологический статус, состояние эндокринной системы, в дополнение к другим негенетическим факторам (E. Grochowska et al., 2017). Существует множество негенетических факторов – уровень кормления, физиологические параметры и система разведения, которые контролируют фенотипическую экспрессию роста. Выявление таких факторов важно для корректировки анализа генетических параметров и лучшего планирования управления стадом. Анализ экспрессии генов позволяет выявить гены, отвечающие за проявление экономически важных признаков. Это метод раннего прогнозирования и сравнения животных с различными продуктивными параметрами (G. Ashour et al., 2020). Гены *GH* и *CAST* играют ключевую роль в регуляции роста и развитии овец, поэтому мы сочли важным в своих исследованиях провести ассоциативный анализ между животными различных генотипов по этим генам и динамикой роста.

Исследование взаимосвязи аллельных вариантов генов *GH* и *CAST* с интенсивностью роста молодняка указывает на положительное влияние аллелей В и N рассматриваемых генов на темпы роста мясо-шерстных овец.

Сравнительный анализ показателей роста ягнят свидетельствует о превосходстве носителей гетерозиготного АВ и гомозиготного ВВ генотипов по величине живой массы над молодняком гомозиготного АА генотипа

составившем в возрасте 1 месяц 9,1 ($p<0,01$) и 5,1 %, 4 месяца – 6,5 ($p<0,01$) и 5,6 ($p<0,01$); 8 месяцев – 4,8 ($p<0,01$) и 5,1 ($p<0,01$); 10 – 3,7 ($p<0,01$) и 3,7 %.

Наиболее интенсивный прирост живой массы ягнят всех генотипов отмечен в период от 1 до 4 месяцев. Однако молодняк АВ и ВВ генотипов превосходил сверстниц АА генотипа на 4,6 и 6,0 % (таблица 6).

Таблица 6 – Динамика роста мясо-шерстных овец с различными генотипами по гену *GH*

Показатель	Генотип		
	АА	АВ	ВВ
Живая масса, кг			
1 месяц	9,82±0,29	10,71±0,23*	10,32±0,29
4 месяца	23,40±0,40	24,91±0,41*	24,71±0,43*
6 месяцев	31,53±0,46	33,51±0,43**	33,32±0,50*
8 месяцев	35,0±0,50	36,70±0,51*	36,80±0,47*
10 месяцев	38,02±0,64	39,91±0,55*	39,72±0,60
Среднесуточный прирост, г			
от 1 до 4 месяцев	150,80±4,38	157,80±3,61	159,90±4,84
от 4 до 6 месяцев	135,50±6,77	143,33±6,21	143,50±9,05
от 4 до 8 месяцев	96,70±3,67	98,30±4,00	100,80±4,33
от 4 до 10 месяцев	81,22±2,77	83,33±2,84	83,34±3,68
от 1 до 10 месяцев	104,4±2,61	108,15±1,88	108,90±2,56

Примечание - * $p<0,01$; ** $p<0,05$

После 4-месячного возраста произошло значительное снижение интенсивности роста за счет отъема ягнят от матерей и выхода на пастбище. Но, несмотря на это превосходство молодняка по среднесуточному приросту в период от 4 до 6 месяцев, имеющего в генотипе аллель В, сохранилось и составило 5,8 и 5,9 %, в сравнении с животными АА генотипа.

В целом, анализ данных по среднесуточным приростам за период наблюдения от 1 до 10 месяцев у исследуемых животных в зависимости от генотипов гена *GH*, выявил преимущество АВ и ВВ генотипов над животными АА генотипа на 3,6 и 4,3 %.

Стоит отметить, что изучение полиморфизма в генах *GH* и *CAST* у овец генотипа ½ полл дорсет x ½ северокавказская мясо-шерстная не проводилось,

но в литературных данных имеются сведения об исследованиях такого плана у других пород овец.

Овцы сальской породы разных генотипов гена *GH* отличались параметрами роста при отъеме: особи с генотипом АВ превосходили баранчиков с генотипами АА и ВВ по живой массе на 1,70 и 2,18 кг ($p \leq 0,01$), среднесуточному приросту – на 15,0 и 15,6 г ($p \leq 0,05$) соответственно (Н.Ф. Бакоев, 2021).

У овец Хари была обнаружена положительная значимая ($P < 0,05$) корреляция между полиморфными вариантами гена *GH* и признаками роста (I. Abdelmoneim et al., 2017).

У тибетских овец наблюдалось значительная связь между генотипами гена *GH* и признаками роста: животные АА генотипа уступали АВ и ВВ генотипам по живой массе ($P < 0,05$) (J.L. Jia et al., 2014).

В таблице 7 рассматриваются параметры живой массы и среднесуточного прироста у анализируемых овец в зависимости от генотипов гена *CAST*.

Таблица 7 – Динамика роста мясо-шерстных овец с различными генотипами по гену *CAST*

Показатель	Генотип	
	ММ	МN
Живая масса, кг		
1 месяца	10,34±0,17	10,40±0,37
4 месяца	24,21±0,25	25,51±0,94
6 месяцев	32,82±0,31	33,24±0,67
8 месяцев	36,14±0,33	37,0±0,69
10 месяцев	39,21 ±0,38	40,45±0,93
Среднесуточный прирост, г		
от 1 до 4 месяцев	154,11±2,32	167,9±10,64
от 4 до 6 месяцев	143,50±4,12	128,83±16,54
от 4 до 8 месяцев	99,42±2,47	95,75±7,30
от 4 до 10 месяцев	83,3±1,88	83,0±5,63
от 1 до 10 месяцев	106,92±1,50	111,30±3,35

В одномесячном возрасте животные разных генотипов практически не отличались по живой массе, в 4-месячном – у гетерозиготных MN особей этот показатель был выше на 5,2 %, в 8- и 10-месячном – на 2,0 и 2,8 %, в отличие от гомозиготного MM генотипа.

Также гомозиготные MM особи характеризовались и более лучшей величиной среднесуточных приростов на 3,5 % за наблюдаемый период от одного до десяти месяцев.

Российские ученые сравнивали овец романовской породы из Ярославской области в зависимости от генотипов гена кальпастина. Оказалось, что овцы с генотипом MM гена *CAST* превосходили животных с генотипами MN и NN генотипов по живой массе: в 5-месячном возрасте – на 5,61 и 14,8 %, в 10-месячном – на 4,53 и 11,3 % соответственно (М.Н. Костылев и др., 2020).

A. Afanasyeva et al., (2019) установили зависимость между разными генотипами гена *CAST* и показателями живой массы и среднесуточных приростов у овец западно-сибирской мясной породы. Ягнята с генотипом MN гена *CAST* превосходили особей NN генотипа на 20 и 6,9 % ($P < 0,01$).

Зарубежные исследователи обнаружили определенную связь между генотипом гена кальпастина и живой массой баранов. Оказалось, что овцы генотипа MN отличались более высокой массой тела, по сравнению с генотипом MM гена *CAST* (C. Sumantri, 2012).

Бразильские ученые в результате исследований влияния гена *CAST* на показатели роста и развития овец Санта-Инес установили достоверные ассоциации ($P < 0,05$) со среднесуточным приростом, обхватом грудной клетки, длиной тела и обхватом пясти в зависимости от полиморфных вариантов (A.L. MacNado et al., 2020).

Таким образом, сопоставляя данные результатов исследования, проведенного нами с данными других ученых можно предположить наличие связи между показателями живой массы овец, среднесуточными приростами и разными генотипами генов *GH* и *CAST* у мясо-шерстного молодняка.

3.2.2 Экстерьерные особенности

Внешним особенностям животного придается немалое значение, поскольку по параметрам экстерьера, в определенной степени, можно судить о породной специфике и продуктивных качествах (E.N. Chernobai et al., 2021). Для характеристики параметров телосложения изучаемых овец в зависимости от генотипов генов *GH* и *CAST* проводили измерение отдельных статей тела в возрасте 4 и 8 месяцев (таблица 8).

Таблица 8 – Промеры телосложения мясо-шерстных овец с различными генотипами генов *GH* и *CAST*, см

Показатель	<i>GH</i>			<i>CAST</i>	
	AA	AB	BB	MM	MN
4 месяца					
Высота в холке	54,20±0,60	56,94±0,61*	56,67±0,67*	56,26±0,32	57,64±0,66
Высота в крестце	55,73±0,62	58,69±0,56*	58,20±0,52*	57,82±0,36	59,45±0,57
Ширина груди	16,50±0,35	17,88±0,30*	17,73±0,23*	17,29±0,22	17,91±0,39
Глубина груди	23,33±0,33	24,69±0,37**	24,53±0,29**	24,08±0,26	24,64±0,34
Обхват груди	69,26±0,72	73,81±0,86***	73,67±0,61***	73,09±0,43	74,09±0,98
Косая длина туловища	56,53±0,56	59,88±0,66***	59,40±0,51***	59,05±0,39	60,54±0,43
Ширина в маклаках	11,86±0,30	12,69±0,27**	12,47±0,31	12,21±0,20	12,64±0,34
Обхват пясти	7,33±0,15	7,69±0,11	7,53±0,11	7,51±0,08	7,59±0,11
8 месяцев					
Высота в холке	57,20±0,86	60,08±0,87**	59,82±0,98	59,20±0,59	60,87±0,81
Высота в крестце	58,60±0,92	61,17±0,88	60,91±0,96	60,36±0,58	62,12±0,87
Ширина груди	19,8±0,46	21,67±0,28*	21,45±0,34*	21,04±0,23	21,75±0,37
Глубина груди	25,8±0,42	27,5±0,23***	27,36±0,24*	26,72±0,26	27,63±0,18
Обхват груди	78,0±1,30	83,75±0,86***	83,64±0,68***	81,88±0,65	84,75±0,49
Косая длина туловища	60,1±0,58	63,67±0,87*	63,45±0,99*	63,0±0,58	64,12±1,19
Ширина в маклаках	15,20±0,29	16,00±0,21**	15,91±0,21**	15,68±0,17	15,88±0,29
Обхват пясти	8,90±0,20	9,28±0,11	9,11±0,23	9,01±0,13	9,41±0,09

Примечание - * $p < 0,01$; ** $p < 0,05$; *** $p < 0,001$

В результате сравнительного анализа установлена достоверная связь между различными генотипами гена *GH* и большинством промеров телосложения мясо-шерстных овец как в 4-, так и 8-месячном возрасте. Так, в 4-месячном возрасте наиболее значимые различия, свидетельствующие о преимуществе ярок носителей *AB* и *BB* генотипов по сравнению с аналогами *AA* отмечены по грудным промерам, составившие: по глубине груди 5,8 ($p < 0,05$) и 5,1 % ($p < 0,05$), ширине груди – 8,4 ($p < 0,01$) и 7,5 % ($p < 0,01$), обхвату груди 6,6 ($p < 0,001$) и 6,4 % ($p < 0,001$).

В возрасте 8 месяцев наблюдается аналогичная закономерность, выявлено преимущество молодняка *AB* и *BB* генотипов гена *GH* над особями *AA* генотипа практически по всем промерам. При этом наибольшие различия, свидетельствующие о превосходстве ярок *AB* и *BB* генотипов по сравнению с животными *AA* генотипа также наблюдаются по грудным промерам: по глубине груди – на 6,6 ($p < 0,001$) и 6,0 % ($p < 0,01$), ширине груди – на 6,2 ($p < 0,01$) и 5,1 % ($p < 0,01$), обхвату груди – на 4,7 ($p < 0,001$) и 4,6 % ($p < 0,001$).

Что касается взаимосвязи разных генотипов гена *CAST* с показателями промеров экстерьера исследуемого поголовья в возрасте 4 и 8 месяцев, то молодняк генотипа *MM* незначительно уступал по изученным параметрам особям *MN* генотипа. Однако в возрасте 10 месяцев ярки гетерозиготного *MN* генотипа превосходили овец гомозиготного *MM* генотипа по обхвату груди на 3,5 %.

В возрасте 8 месяцев наблюдается аналогичная закономерность, выявлено преимущество молодняка *AB* и *BB* генотипов гена *GH* над особями *AA* генотипа практически по всем промерам, кроме высоты в крестце и обхвата пясти. По грудным промерам (глубина, ширина и обхват груди) также отмечена разница на 6,6 ($p < 0,001$) и 6,0 % ($p < 0,01$); 6,2 ($p < 0,01$) и 5,1 ($p < 0,01$); 4,7 ($p < 0,001$) и 4,6 % ($p < 0,001$).

Что касается взаимосвязи разных генотипов гена *CAST* со статьями тела опытных овец, то молодняк генотипа *MM* незначительно уступал по этим показателям особям *MN* генотипа. Наибольшая разница, на 3,5 %, по

сравнению с овцами гомозиготного генотипа ММ была характерна для обхвата груди.

В исследованиях A.L. MacHado et al. (2020), посвященных изучению влияния полиморфизма гена *CAST* на продуктивные параметры овец выявлена положительная взаимосвязь полиморфных вариантов гена с длиной тела, обхватом грудной клетки и обхватом пясти.

Экстерьерные особенности животных являются показателем здоровья и крепости конституции, а также пригодности к содержанию в конкретных условиях. Нами изучены внешние особенности телосложения мясо-шерстных овец в зависимости от генотипов генов *GH* и *CAST* в возрасте 4 и 8 месяцев (таблица 9).

Таблица 9 – Индексы телосложения мясо-шерстных овец с различными генотипами генов *GH* и *CAST*, %

Индексы телосложения	4 месяца			8 месяцев		
	AA	AB	BB	AA	AB	BB
<i>GH</i>						
Сбитости	122,51	123,26	124,02	129,78	131,54	131,82
Растянутости	104,29	105,16	104,82	105,0	105,97	106,10
Длинноногости	56,9	56,64	57,77	54,89	54,23	54,26
Грудной	70,72	72,42	72,28	76,74	78,80	78,40
Перерослости	102,82	103,07	102,70	102,44	101,81	101,82
Тазо-грудной	139,12	140,90	142,18	130,26	135,44	134,82
Массивности	127,78	129,63	130,00	136,36	139,40	139,82
Костистости	13,52	13,50	13,29	15,55	15,45	15,23
<i>CAST</i>						
Индексы телосложения	MM	MN	MM	MN		
Сбитости	123,17	123,44	130,80	132,17		
Растянутости	104,43	104,79	105,87	105,34		
Длинноногости	56,76	56,77	54,37	54,61		
Грудной	71,22	72,69	77,84	78,72		
Перерослости	102,80	103,20	98,0	102,05		
Тазо-грудной	140,45	141,69	132,65	136,96		
Массивности	128,63	129,35	138,49	139,23		
Костистости	13,48	13,32	15,36	15,46		

При сравнительном анализе индексов телосложения животных в зависимости от аллельных вариантов гена *GH* выявлено преимущество овец АВ и ВВ генотипов над особями АА генотипа по параметрам грудного, тазогрудного индексов и массивности: в 4-месячном возрасте на 1,7 и 1,6 абс.%; 1,8 и 3,1; 1,9 и 2,2 абс.%; в 8-месячном – на 2,1 и 1,7 абс.%; 5,2 и 4,6; 3,0 и 3,5 абс.%. Кроме того, для животных АВ генотипа в возрасте 4 месяца наблюдается меньший индекс длинноногости, но больший – растянутости туловища. Аналогичная закономерность по изученным параметрам обнаружена и в 8-месячном возрасте у особей АВ и ВВ генотипов.

При расчете индексов телосложения у опытных овец различных генотипов гена *CAST* в 4-месячном возрасте существенных межгрупповых различий не обнаружено. В возрасте 8 месяцев животные MN генотипа превосходили аналогов MM генотипа по индексам сбитости, перерослости и тазо-грудному индексу на 1,4 абс.%, 4,1 и 4,3 абс.%.

Сравнивая индексы телосложения исследуемых овец различных генотипов гена *CAST* в 4-месячном возрасте, выявлено, что для носителей MN генотипа была характерна большая растянутость и массивность туловища, а также лучшая степень развития грудной клетки. При рассмотрении индексов телосложения молодняка разных генотипов в возрасте 10 месяцев установлено, что животные MN генотипа превосходили аналогов MM генотипа по индексам сбитости на 1,4 абс.%, перерослости – на 4,1 абс.% и тазо-грудному – на 4,3 абс.%.

В результате анализа параметров телосложения мясо-шерстных овец в зависимости от генотипов генов *GH* и *CAST* установлена взаимосвязь между отдельными частями тела животных и индексами телосложения. Выявлено, что животные с генотипами АВ и ВВ гена *GH*, генотипом MN гена *CAST* характеризуются лучшими мясными формами, по сравнению с генотипами АА и MM генов *GH* и *CAST*.

3.3 Ассоциация полиморфизма генов *GH* и *CAST* с количественно-качественными показателями мясной продуктивности мясо-шерстных овец

3.3.1 Убойные показатели, морфологический и сортовой состав мышечной ткани

В настоящее время производство баранины обусловлено современными потребительскими запросами, поскольку мясо овец рассматривается как альтернатива говядине и другим мясным продуктам интенсивного выращивания. Увеличение производства баранины значительно повлияет на доходность овцеводческой отрасли (Л.Н. Скорых, 2013; Н.В. Широкова, 2020).

Формирование мясной продуктивности овец зависит от многих параметров, таких как породная принадлежность, фенотипические особенности, условия кормления и содержания. Применяя методы отбора овец, основанные на использовании маркеров высокой мясной продуктивности, можно добиться значительного увеличения темпов роста животного. Генетическая селекция за последнее десятилетие позволила увеличить мускулатуру, массу туши и выход, а также уменьшить отложение жира.

Для выявления взаимосвязи полиморфизма генов *GH* и *CAST* с формированием мясной продуктивности мясо-шерстных овец проведен контрольный убой молодняка различных генотипов.

Анализируя результаты контрольного убоя молодняка овец в зависимости от генотипов гена *GH* выявлено, что преимущество носительниц *AB* и *BB* генотипов над животными *AA* генотипа по живой массе перед убоем составило 2,9 и 3,5 %. Результаты также показали, что у молодняка овец *AB* и *BB* генотипов было зафиксировано высокое значение массы парной туши на 7,2 и 8,2 % по сравнению с гомозиготным генотипом *AA*. В

то же время не выявлены различия в массе внутреннего жира у исследуемых генотипов. Однако большая убойная масса обнаружена у овец носительниц АВ и ВВ генотипов, превышающая показатели молодняка с генотипом АА на 7,1 и 8,1 %. Выявленная закономерность отразилась и на высоком убойном выходе, характерном для туш животных АВ и ВВ генотипов, что способствовало увеличению изученного параметра на 1,7 и 1,8 абс. процента по сравнению с овцами носительницами АА генотипа (таблица 10).

Таблица 10 – Показатели мясной продуктивности молодняка мясошерстных овец с различными генотипами гена *GH*

Показатель	Генотип		
	АА	АВ	ВВ
Живая масса перед убоем, кг	34,0±0,71	35,0±0,2	35,2±0,36
Масса парной туши, кг	14,36±0,36	15,40±0,27	15,54±0,35
Масса внутреннего жира, г	0,280±0,01	0,282±0,007	0,287±0,008
Убойная масса, кг	14,64±0,37	15,68±0,27	15,82±0,36
Убойный выход, %	43,1	44,8	44,9

Анализируя результаты контрольного убоя исследуемых овец в зависимости от генотипов гена *CAST* выявлено, что преимущество носительниц MN генотипа над животными MM генотипа по живой массе перед убоем составило 2,6%. Кроме того, результаты показали, что у овец MN генотипа было отмечается высокое значение массы парной туши на 5,5% по сравнению с животными имеющими гомозиготный генотип MM. Следует отметить, что различия в массе внутреннего жира у исследуемых генотипов не выявлены. Однако большая убойная масса наблюдалась у овец носительниц MN генотипа, превышающая показатели животных с генотипом MM на 5,4%. Обнаруженная закономерность нашла отражение и в высоком убойном выходе, характерном для туш животных с гетерозиготным генотипом MN, что определило увеличение изученного параметра на 1,2 абс. процента в сравнении с овцами носительницами MM генотипа (таблица 11).

Таблица 11 – Мясные качества мясо-шерстных овец с различными генотипами по гену *CAST*

Показатель	Генотип	
	ММ	MN
Живая масса перед убоем, кг	34,73±0,29	35,63±0,47
Масса парной туши, кг	14,94±0,42	15,76±0,54
Масса внутреннего жира, г	0,291±0,001	0,295±0,003
Убойная масса, кг	15,23±0,43	16,05±0,53
Убойный выход, %	43,8	45,0

Данные полученные по результатам обвалки туш свидетельствуют о превосходстве молодняка генотипов АВ и ВВ гена *GH* по массе полутуши на 7,2 и 8,2 % в сравнении с АА генотипом (таблица 12).

Таблица 12 – Результаты обвалки полутуш мясо-шерстных овец с различными генотипами гена *GH*

Показатель	Генотип		
	АА	АВ	ВВ
Масса полутуши, кг	7,18±0,18	7,70±0,11	7,77±0,18
Лопаточно-спинной отруб, кг	3,24±0,04	3,50±0,01*	3,56±0,08**
мякоть	2,27±0,16	2,55±0,12	2,60±0,12
кость	0,97±0,18	0,95±0,07	0,96±0,03
Поясничный отруб, кг	0,76±0,05	0,92±0,003**	0,95±0,06
мякоть	0,57±0,06	0,76±0,01	0,77±0,05
кость	0,19±0,009	0,16±0,01	0,18±0,006
Тазобедренный отруб, кг	2,24±0,09	2,42±0,04	2,43±0,06
мякоть	1,89±0,06	2,04±0,04	2,07±0,07
кость	0,35±0,03	0,38±0,009	0,36±0,01
Зарез, кг	0,24±0,03	0,20±0,002	0,18±0,008
мякоть	0,10±0,005	0,126±0,007	0,130±0,01
кость	0,14±0,03	0,07±0,001	0,06±0,008
Задняя голяжка, кг	0,44±0,02	0,42±0,001	0,39±0,01
мякоть	0,32±0,02	0,25±0,002	0,24±0,03
кость	0,12±0,04	0,18±0,003	0,15±0,02
Предплечье, кг	0,26±0,02	0,24±0,005	0,25±0,02
мякоть	0,15±0,01	0,153±0,007	0,16±0,02
кость	0,11±0,01	0,087±0,003	0,09±0,001

Примечание - * $p < 0,01$; ** $p < 0,05$

Существенная разница была отмечена и по наиболее значимым отрубам (лопаточно-спинной, поясничной, тазобедренной), составившая: 9,4 ($p<0,01$) и 9,9 ($p<0,05$); 21,1 ($p<0,05$) и 25,0; 8,0 и 8,5 % между особями АВ и ВВ генотипов и АА генотипом.

Проведенная обвалка полутуш молодняка исследуемых овец с разными генотипами гена *CAST* выявила межгрупповые различия по величине полутуши, лопаточно-спинному и тазобедренному отрубам. Животные гетерозиготного генотипа MN превосходили гомозиготных MM особей по указанным параметрам на 5,5; 6,8 и 5,5 % (таблица 13).

Таблица 13 – Результаты обвалки полутуш мясо-шерстных овец с различными генотипами гена *CAST*

Показатель	Генотип	
	MM	MN
Масса полутуши, кг	7,47±0,22	7,88±0,27
Лопаточно-спинной отруб, кг	3,40± 0,10	3,63± 0,17
мякоть	2,51± 0,12	2,65± 0,22
кость	0,89± 0,05	0,98± 0,07
Поясничной отруб, кг	0,91± 0,07	0,94± 0,08
мякоть	0,74± 0,07	0,79± 0,09
кость	0,17± 0,009	0,15± 0,009
Тазобедренной отруб, кг	2,36± 0,07	2,49± 0,09
мякоть	2,01± 0,06	2,12± 0,10
кость	0,347± 0,02	0,370± 0,01
Зарез, кг	0,17± 0,007	0,21± 0,03
мякоть	0,10± 0,01	0,12± 0,01
кость	0,07± 0,01	0,09± 0,03
Задняя голяжка, кг	0,40± 0,03	0,38± 0,03
мякоть	0,23± 0,02	0,25± 0,04
кость	0,170± 0,01	0,130±0,03
Предплечье, кг	0,23± 0,02	0,226± 0,01
мякоть	0,13± 0,02	0,14± 0,01
кость	0,10± 0,003	0,086± 0,006

Соотношение мякоти и костей в туше можно считать основным показателем мясной продуктивности, по которому судят об упитанности

животного. Поэтому следующий этап исследований был направлен на проведение сравнительной оценки сортового и морфологического состава туш.

По результатам проведенного разуба туш мясо-шерстных овец больший выход отрубов I сорта обнаружен у АВ и ВВ генотипов гена *GH* на 1,9 и 2,4 абс.% по сравнению с особями АА генотипа. Анализ данных обвалки позволил определить лучший морфологический состав полутуш у овец АВ и ВВ генотипов, отличающихся большим выходом мышечной ткани на 2,6 и 3,0 абс.%, в отличие от молодняка АА генотипа (таблица 14).

Таблица 14 – Сортовой и морфологический состав мышечной ткани мясо-шерстных овец с различными генотипами гена *GH*

Показатель	Генотип		
	АА	АВ	ВВ
Выход отрубов I сорта, %	86,9	88,8	89,3
Выход отрубов II сорта, %	13,1	11,2	10,7
Масса мышечной ткани, кг	5,30±0,06	5,88±0,17*	5,97±0,20*
Выход мышечной ткани, %	73,8	76,4	76,8
Масса костей, кг	1,88±0,19	1,82±0,08	1,80±0,03
Выход костей, %	26,2	23,6	23,2
Коэффициент мясности	2,80±0,34	3,23±0,20	3,32±0,15

Примечание - * $p < 0,05$

Что касается коэффициента мясности, позволяющего судить о соотношении мышечной и костной ткани, то можно отметить, что туши овец с генотипом АВ и ВВ характеризовались большим содержанием мышц и меньшим костей на 15,4 и 18,6 %, чем овцы генотипа АА гена *GH*.

Анализ результатов сортового и морфологического состава туш изучаемых овец с разными аллельными формами гена *CAST* выявил несколько иные данные, чем по гену *GH* (таблица 15).

Показатели выхода отрубов у животных не носили межгрупповых различий. Однако по содержанию мышечной ткани отмечена разница между молодняком разных генотипов: особи генотипа MN превосходили сверстниц ММ генотипа на 6,1 %. При изучении величины коэффициента мясности

было определено, что наличие генотипа MN связано с большим значением изучаемого параметра, на 2,4% превышающего показатель овец носительниц MM генотипа.

Таблица 15 – Сортной и морфологический состав мышечной ткани мясо-шерстных овец с различными генотипами гена *CAST*

Показатель	Генотип	
	MM	MN
Выход отрубов I сорта, %	89,2	89,6
Выход отрубов II сорта, %	10,8	10,4
Масса мышечной ткани, кг	5,72±0,24	6,07±0,35
Выход мышечной ткани, %	76,6	77,0
Масса костей, кг	1,75±0,07	1,81±0,10
Выход костей, %	23,4	23,0
Коэффициент мясности	3,27±0,23	3,35±0,34

Результаты наших исследований согласуются с V. Lushnikov и A. Strilchuk (2022), в которых авторы связывают с генотипом MN лучшие показатели мясной продуктивности, полученные по результатам контрольного убоя молодняка эдильбаевской породы овец. Предубойная масса, убойная масса и убойный выход оказался выше у овец MN генотипа гена *CAST* на 2,26; 6,04 и 1,4 %.

Для овец алтайской горной породы получены несколько иные результаты контрольного убоя. Установлено превосходство носителей NN генотипа гена *CAST* по предубойной живой массе и массе парной туши на 4,96 и 2,83 кг соответственно ($P<0,05$), коэффициенту мясности на 0,26 абс.% ($P<0,05$), в сравнении с овцами MM генотипа (M. I. Selionova et al., 2020).

3.3.2 Морфологические показатели внутренних органов

Продуктивность овец во многом определяется развитием внутренних органов. Поэтому изучение таких показателей как масса сердца, печени, селезенки и т.д. имеет научный и практический интерес (А.Ч. Гаглоев и др., 2020).

При рассмотрении степени развития внутренних органов исследуемого поголовья в зависимости от генотипов гена *GH* установлено, что особи АВ и ВВ генотипов характеризовались лучшим их развитием в сравнении с АА генотипом.

Кровь является переносчиком питательных веществ корма и кислорода для жизнедеятельности организма животных. Результаты контрольного забоя показали, что количество выделенной крови оказалось выше у овец генотипов АВ и ВВ на 3,8 и 4,6 %, в отличие от особей генотипа АА. Циркуляцию крови в организме животного обеспечивает работа сердца, масса которого носит определенные различия в зависимости от аллельного состояния гена *GH*. Особи АВ и ВВ генотипов превосходили животных АА генотипа по этому параметру на 3,6 и 1,8 % (таблица 16).

Таблица 16 – Морфологические показатели внутренних органов мясошерстных овец с различными генотипами гена *GH*

Показатель	Генотип		
	АА	АВ	ВВ
Масса выделенной крови, кг	1,31±0,06	1,36±0,05	1,37±0,05
Масса сердца, г	165,33±7,86	171,33±4,37	168,30±4,91
Масса легких с трахеей, г	492,0±20,43	550,67±22,28	552,0±6,03*
Масса селезенки, г	105,67±6,84	106,0±4,51	106,30±9,77
Масса печени, г	422,33±33,84	452,3±10,40	450,0±2,52
Масса почек, г	110,7±9,68	111,3±19,34	112,3±14,35
Масса желудка (без содержимого), кг	1,35±0,03	1,48±0,09	1,50±0,06
Длина тонкого отдела кишечника, м	21,0±0,58	22,0±0,29	22,5±0,86
Длина толстого отдела кишечника, м	5,33±0,33	5,67±0,33	5,80±0,17
Общая длина кишечника, м	26,33±0,88	27,67±0,73	28,30±0,96

Примечание - * $p < 0,05$

Животные генотипа АВ и ВВ характеризовались лучшим развитием легких, их масса превышала показатели овец альтернативного генотипа АА на 11,9 и 12,2 % ($p < 0,05$), что предположительно может указывать на

лучший газообмен между вдыхаемым воздухом и кровью. По массе печени также отмечено превосходство особей АВ и ВВ генотипов на 7,1 и 6,6 % по сравнению с АА генотипом.

Известно, что продуктивность животного тесно связана с состоянием пищеварительной системы, поэтому нами изучена масса желудка и степень развития кишечника у животных исследуемых генотипов генов *GH* и *CAST*. Полученные данные свидетельствуют, что животные носители АВ и ВВ генотипов гена *GH* отличались лучшим развитием желудочно-кишечного тракта, в сравнении с генотипом АА: по массе желудка на 9,6 и 11,1 %, длине толстого отдела кишечника – на 4,7 и 7,1 %, длине тонкого отдела – на 6,4 и 8,8 %.

Изучение морфологических параметров внутренних органов в зависимости от структуры гена *CAST* показало, что гетерозиготные особи MN генотипа отличались лучшими характеристиками степени их развития по сравнению с гомозиготными особями MM генотипа (таблица 17).

Таблица 17 – Морфологические показатели внутренних органов мясошерстных овец с различными генотипами гена *CAST*

Показатель	Генотип	
	MM	MN
Масса выделенной крови, кг	1,34±0,01	1,40±0,02
Масса сердца, г	167,70±5,67	177,67±6,12
Масса легких с трахеей, г	543,67±12,81	554,0±20,82
Масса селезенки, г	107,0±5,51	111,0±0,58
Масса печени, г	446,0±13,01	468,67±11,05
Масса почек, г	111,0±6,11	114,33±11,89
Масса желудка (без содержимого), кг	1,40±0,05	1,56±0,08
Длина тонкого отдела кишечника, м	21,73±0,54	23,17±0,93
Длина толстого отдела кишечника, м	5,57±0,23	6,0±0,29
Общая длина кишечника, м	27,30±0,70	29,17±0,73

Так, масса крови, выделенная после убоя животных, оказалась на 4,5 % выше у гетерозиготного MN варианта, в отличие от гомозиготного. Присутствие аллеля N в геноме исследуемых овец сопровождалось и

большим размером сердца у гетерозиготных особей, преимущество в сравнении с ММ генотипом составило 6,0 %. Кроме того, животные MN генотипа характеризовались и лучшим развитием легких, чем ярки ММ генотипа на 2,0 %.

При изучении степени развития внутренних органов у исследуемых овец выявлено, что у особей гетерозиготного MN генотипа масса селезенки, печени и почек выше на 3,7; 5,1 и 3,0 %, в сравнении с генотипом ММ. По массе желудка и общей длине кишечника животные гетерозиготного генотипа MN гена CAST превосходили особей ММ генотипа на 11,4 и 6,8 %.

Результаты исследований морфологических особенностей внутренних органов изучаемых овец в зависимости от полиморфных вариантов генов *GH* и *CAST* указывают на лучшую степень развития желудочно-кишечного тракта у особей с аллелями В и N анализируемых генов.

3.3.3 Химический и аминокислотный состав мышечной ткани

Мясо жвачных играет решающую роль в питании человека. Представление о качественном составе мяса потребителями рассматривается на основе органолептических свойств и микробиологического качества. Однако более объективную оценку качеству мяса может дать знание о его химическом составе и физических свойствах. Баранина обладает специфическим химическим составом мышечной и жировой тканей, физико-механическими и вкусовыми особенностями. По сравнению со свининой, баранина имеет более высокое содержание белка, но меньше жира. Анализ химического состава мышечной ткани дает полное представление о его качественных характеристиках (К. Velhaj et al., 2021).

Результаты анализа общего химического состава показали, что мясо ягнят разных вариантов генотипов генов *GH* и *CAST* отличалось различной биологической ценностью.

Исходя из данных химического анализа можно отметить, что по содержанию сухого вещества в мышечной ткани животные генотипов АВ и ВВ гена *GH* превосходили особей АА генотипа на 6,6 ($p < 0,05$) и 9,2 % ($p < 0,05$). Содержание компонентов, входящих в состав сухого вещества также имели межгрупповые различия. Так, процент сырого протеина оказался выше у овец генотипов АВ и ВВ на 14,5 и 8,6 %, но содержание золы ниже – на 45,6 ($p < 0,01$) и 28,6 % ($p < 0,05$), в сравнении с АА генотипом. По содержанию сырого жира не выявлено аналогичной закономерности. Общей влаги в мышцах овец с разными аллельными формами гена *GH* содержалось меньше у животных АВ и ВВ генотипов на 3,2 и 4,5 %, в отличие от аналогов АА генотипа (таблица 18).

Таблица 18 – Химический состав мышечной ткани мясо-шерстных овец с различными генотипами генов *GH* и *CAST*, %

Показатель	<i>GH</i>			<i>CAST</i>	
	АА	АВ	ВВ	ММ	МN
Общая влага	67,96±2,02	65,84±2,31	65,01±0,64	65,29±0,48	66,26±2,10
Сухое вещество:					
сырой протеин	23,73±1,09	27,18±1,63	25,78±0,80	25,12±0,41	25,72±1,34
сырой жир	7,32±1,15	6,30±0,690	8,44±0,47	8,72±0,39	7,26±1,33
сырая зола	0,99±0,03	0,68±0,06**	0,77±0,063*	0,87±0,11	0,76±0,17

Примечание - * $p < 0,05$; ** $p < 0,01$

В мышечной ткани изучаемых овец в зависимости от генотипов гена *CAST* содержалось больше общей влаги у гетерозиготного МN генотипа на 1,5 %, но меньше сухого вещества на 2,9 % по сравнению с гомозиготными ММ особями, разница оказалась незначительной. По химическому составу сухого вещества имеются некоторые межгрупповые различия. Отмечено превосходство в содержании сырого жира и золы у животных ММ варианта над овцами генотипа МN, с разницей в 20,1 и 14,5 %. Сырой протеин оказался выше у гетерозиготных особей на 2,4 % в отличие от гомозигот.

Мясо является необходимым источником незаменимых аминокислот для здорового и сбалансированного питания. Аминокислоты играют важную роль в оценке пищевой ценности мяса. Вкусовые качества мяса тесно связаны с его аминокислотным составом: сладкий вкус зависит в основном от содержания глицина, аланина, лизина, цистеина, метионина и глутаминовой кислоты, тогда как горький – от количества аргинина и лейцина, а кислый вкус – от уровня аспарагиновой кислоты и гистидина (К. Belhaj et al., 2018). Аминокислотный состав мышц зависит от типа мышц и содержания в них коллагена и варьируется в зависимости от вида, породы и пола животного. В нашей работе изучено содержание аминокислот в мышечной ткани овец в зависимости от полиморфизма генов *GH* и *CAST*.

Полученные результаты исследования аминокислотного состава длиннейшей мышцы спины показали, что во фракции незаменимых аминокислот преобладали валин, изолейцин и лизин у всех групп изучаемых овец. Для заменимых аминокислот наибольшие показатели характерны по содержанию аспарагиновой и глутаминовой кислот, аргинина.

Однако наиболее высокие показатели содержания аминокислот отмечены в мышечной ткани овец генотипов АВ, ВВ гена *GH* и генотипа MN гена *CAST*.

Самая большая разница выявлена в содержании метионина в мясе особей АВ и ВВ генотипов в сравнении с АА вариантом гена *GH*, составившая 53,8 и 27,0 %. Во фракции заменимых аминокислот наибольшая разница между указанными генотипами отмечена по количеству тирозина, которая составила 25,2 и 13,2 %. По содержанию глицина зафиксированы наименьшие межгрупповые различия: особи с генотипом АВ на 16,6 % превосходили по данному показателю животных с генотипом АА, носители ВВ варианта – на 1,2 %. В целом, по сумме как незаменимых, так и заменимых аминокислот преимущество оказалось у вариантов генотипа АВ и ВВ на 21,1 и 11,2 %; 19,4 и 10,7 %, в сравнении с особями генотипа АА.

Отношение незаменимых аминокислот к заменимым также было выше у генотипов АВ и ВВ (таблица 19).

Таблица 19 – Аминокислотный состав мышечной ткани мясо-шерстных овец с различными генотипами гена *GH*, %

Показатель	Генотип		
	АА	АВ	ВВ
Незаменимые аминокислоты			
Лизин	1,26±0,11	1,526±0,17	1,416±0,07
Изолейцин	1,72±0,15	2,08±0,24	1,926±0,10
Валин	2,413±0,21	2,926±0,33	2,623±0,16
Метионин	0,026±0,003	0,04±0,005	0,033±0,003
Лейцин	1,85±0,160	2,25±0,256	2,083±0,110
Фенилаланин	0,523±0,04	0,633±0,07	0,586±0,03
Треонин	1,12±0,09	1,333±0,15	1,236±0,06
Сумма	8,91±0,76	10,79±1,23	9,91±0,53
Заменимые аминокислоты			
Аланин	1,19±0,10	1,446±0,17	1,343±0,07
Глицин	1,366±0,17	1,456±0,16	1,35±0,072
Глутаминовая кислота	2,206±0,19	2,676±0,30	2,483±0,13
Тирозин	0,25±0,02	0,313±0,04	0,283±0,02
Гистидин	0,436±0,04	0,533±0,06	0,5±0,023
Аспаргиновая кислота	1,683±0,14	2,043±0,23	1,896±0,10
Аргинин	1,863±0,164	2,263±0,27	2,093±0,11
Сумма	8,99±0,75	10,73±1,23	9,95±0,53
Отношение незаменимых аминокислот к заменимым	0,990±0,02	1,007±0,003	0,997±0,0009

Полученные данные об аминокислотном профиле мяса в зависимости от генотипов гена *CAST* исследуемых овец указывают о повышенном содержании практически всех аминокислот у гетерозиготного генотипа MN, кроме метионина и гистидина, количество которых у гетерозигот оказалось ниже на 26,9 и 4,1 % в сравнении с гомозиготным генотипом MM. Наибольшая разница по фракции незаменимых аминокислот установлена в содержании лейцина между MN и MM генотипами, составив при этом 11,2 %. Самые меньшие различия обнаружены по количеству валина, особи

генотипа MN на 7,0 % превосходили генотип MM по содержанию данной аминокислоты в мышцах (таблица 20).

Таблица 20 – Аминокислотный состав мышечной ткани мясо-шерстных овец с различными генотипами гена *CAST*, %

Показатель	Генотип	
	MM	MN
Незаменимые аминокислоты		
Лизин	1,236±0,07	1,37±0,03
Изолейцин	1,68±0,11	1,866±0,05
Валин	2,37±0,15	2,536±0,05
Метионин	0,033±0,003	0,026±0,003
Лейцин	1,816±0,12	2,02±0,05
Фенилаланин	0,513±0,03	0,566±0,01
Треонин	1,076±0,07	1,196±0,03
Сумма	8,73±0,55	9,58±0,18
Заменимые аминокислоты		
Аланин	1,166±0,08	1,30±0,03
Глицин	1,176±0,07	1,306±0,03
Глутаминовая кислота	2,163±0,14	2,403±0,06
Тирозин	0,246±0,017	0,273±0,008
Гистидин	0,43±0,03	0,413±0,07
Аспаргиновая кислота	1,65±0,011	1,836±0,05
Аргинин	1,83±0,12	2,033±0,05
Сумма	8,66±0,56	9,57±0,26
Отношение незаменимых аминокислот к заменимым	1,01±0,003	1,00±0,01

Суммарный аминокислотный состав, как по фракции незаменимых аминокислот, так и заменимых оказался выше у молодняка генотипа MN на 9,7 и 10,5 % в сравнении с MM генотипом.

Анализ аминокислотного состава мышечной ткани изучаемых овец показал высокую биологическую и пищевую ценность белка, потребление которого вполне удовлетворит потребность человека в незаменимых аминокислотах. Вместе с этим, хочется отметить, что мясо особей АВ и ВВ генотипов гена *GH* и MN генотипа гена *CAST* обладало более высокой биологической ценностью, что говорит о положительной связи

полиморфизма этих генов с качеством мясной продуктивности анализируемых овец.

3.3.4 Микроструктурный анализ мышечной ткани

Полиморфные варианты генов *GH* и *CAST*, как уже известно, из данных литературных источников, связаны с различными признаками мясной продуктивности животных: в частности, полиморфизм в гене *GH* оказывает влияние на массу тела, потерю влаги в туше после забоя и мраморностью мяса; полиморфизм в гене *CAST* играет ключевую роль в посмертной тендеризации мяса и сопряжен с нежностью мяса (В.Р. Плахтюкова, 2020; E.L. Sherman et al., 2008; J.L. Gill et al., 2009). Нами изучен микроструктурный анализ мышечной ткани в зависимости от полиморфизмов генов *GH* и *CAST*.

Гистроструктура мышечной ткани показала, что баранина, полученная от животных генотипа АВ и ВВ гена *GH* характеризовалась большим количеством мышечных волокон на 5,7 и 6,4 %, но меньшим их диаметром на 7,6 и 9,2 %, по сравнению с животными генотипа АА (таблица 21).

Таблица 21 – Микроструктурный анализ мышечной ткани мясошерстных овец с различными генотипами гена *GH*

Показатель	Генотип		
	АА	АВ	ВВ
Количество мышечных волокон, шт.	340,74±3,27	360,30±9,72	362,67±8,45
Диаметр мышечного волокна, мкм	30,61±0,96	28,27±0,79	27,78±1,38
Общая оценка «мраморности», балл	29,72±1,38	31,54±0,95	31,76±1,23
Содержание соединительной ткани, %	8,67±0,13	8,07±0,18*	7,87±0,48
Площадь «мышечного глазка», кв. см	18,83±1,75	21,59±2,87	21,82±2,94

Примечание - * $p < 0,05$

Мышечное волокно ярочек АВ и ВВ генотипов имело большее количество жировых межволоконных и межпучковых включений, что обусловило более высокую оценку «мраморности» на 1,8 и 2,1 балла в сравнении с животными генотипа АА соответственно. Кроме того, в длиннейшей мышце спины, полученной от особей генотипов АВ и ВВ содержалось меньшее количество соединительной ткани на 0,6 ($p < 0,05$) и 0,81 абс.% в отличие от животных генотипа АА соответственно. По площади «мышечного глазка» генотипы АВ и ВВ превосходили овец АА генотипа на 14,8 и 15,9 % (рисунок 2-4).

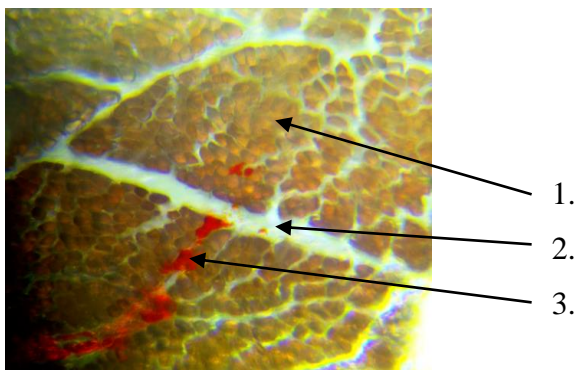
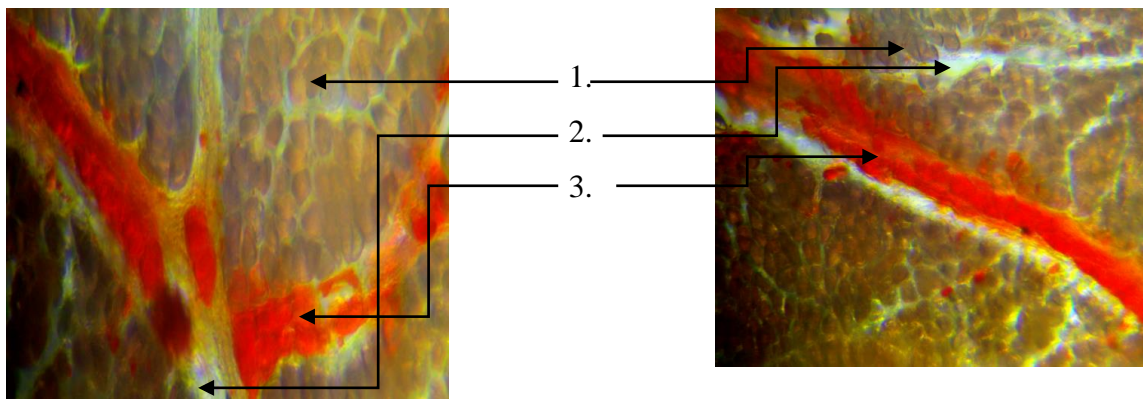


Рисунок 2 – Гистологический срез (поперечный) *m. longissimus dorsi* мясо-шерстных овец генотипа АА гена *GH*



1 – мышечные волокна; 2 – соединительная ткань; 3 – жировая ткань (окраска: гематоксилин Каррарчи и судан III, увел. 10×40)

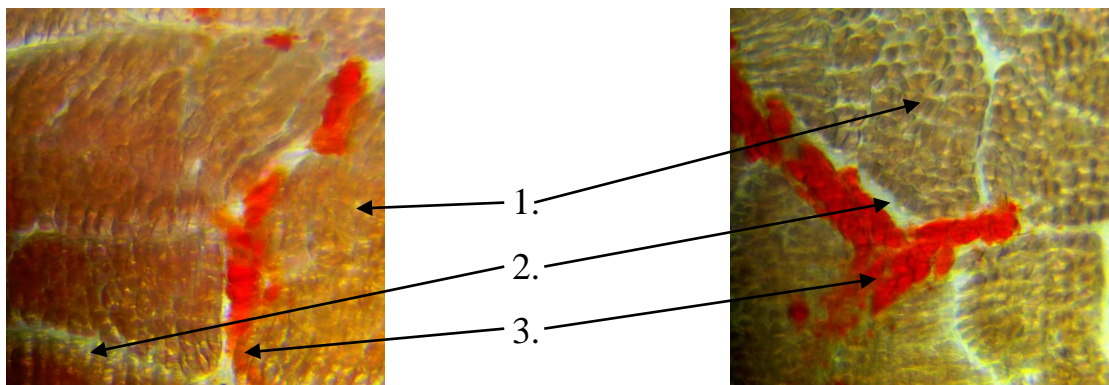
Рисунок 3 – Гистологический срез (поперечный) *m. longissimus dorsi* мясо-шерстных овец генотипа АВ гена *GH*

Рисунок 4 – Гистологический срез (поперечный) *m. longissimus dorsi* мясо-шерстных овец генотипа ВВ гена *GH*

Результаты гистологических исследований показали, что количество мышечных волокон длиннейшей мышцы спины у животных с генотипом MN гена *CAST* было выше на 2,9 %, оценка «мраморности» – на 1,9 балла. Однако по содержанию соединительной ткани и диаметру мышечных волокон они уступали особям гомозиготного генотипа MM на 0,34 абс.% и 3,7 % соответственно. Площадь «мышечного глазка» оказалась выше у гетерозиготного генотипа MN на 5,9 %, по сравнению с гомозиготным MM генотипом (таблица 22, рисунок 5, 6).

Таблица 22 – Микроструктурный анализ мышечной ткани мясо-шерстных овец с различными генотипами гена *CAST*

Показатель	Генотип	
	MM	MN
Количество мышечных волокон, шт.	358,82±8,64	369,26±14,33
Диаметр мышечного волокна, мкм	29,07±1,59	27,99±1,08
Общая оценка «мраморности», балл	31,34±1,03	33,21±0,57
Содержание соединительной ткани, %	8,0±0,23	7,66±0,46
Площадь «мышечного глазка», кв. см	21,02±2,36	22,26±2,51



1 – мышечные волокна; 2 – соединительная ткань; 3 – жировая ткань (окраска: гематоксилин Каррарчи и судан III, увел. 10×40)

Рисунок 5 – Гистологические срезы (поперечные) *m. longissimus dorsi* мясо-шерстных овец генотипа MM
 Рисунок 6 – Гистологические срезы (поперечные) *m. longissimus dorsi* шерстных овец генотипа MN гена *CAST*

В настоящем исследовании впервые описываются генетические варианты в области гена *CAST* и их связь с важными признаками мясной продуктивности у мясо-шерстных овец ($\frac{1}{2}$ ПД x $\frac{1}{2}$ СК). Тем не менее, результаты подобных исследований других ученых также указывают о взаимосвязи полиморфизма гена кальпастина с качественными и количественными характеристиками мяса овец.

M. Greguła-Kania et al. (2019) наблюдали значительную зависимость в процентном содержании мышечной и жировой ткани бедренной части туши ягнят с генотипами AA и AE гена *CAST*. Ягнята с генотипом AA имели более высокую мышечную массу и более низкий процент жира по сравнению с другими генотипами.

K.I. Jawasreh et al. (2017) обнаружили, что овцы авасси, несущие генотип MM гена *CAST*, имели более высокий общий вес костей, чем носители генотипа MN, в то время как у ягнят с генотипом MN наблюдалось более высокое соотношение мяса и костей в туше, по сравнению с генотипом MM.

По сообщению O. Yilmaz et al. (2014) у кивирчикских овец выявлены значительные различия в толщине кожи и подкожного жира между генотипами кальпастина. Кроме этого O. Yilmaz et al. (2014), также обнаружили, что ягнята с генотипом MN и MM имели меньшее количество жира в туше, чем их сверстники с генотипом NN.

Таким образом, микроструктурный анализ мышечной ткани овец в зависимости от полиморфизма генов *GH* и *CAST* показал, что наилучшей мясной продуктивностью в изучаемой популяции обладали особи, несущие в своем геноме аллели В и N изучаемых генов.

3.4 Морфологический и биохимический состав крови овец с различными генотипами по генам *GH* и *CAST*

3.4.1 Морфологический состав крови исследуемых животных

Гематологические параметры являются полезными индикаторами для обнаружения изменений в здоровье и физиологическом статусе животных. Они дают возможность более точной диагностики и определения физиологического статуса овец. Исследование крови играет ключевую роль на разных стадиях развития животного, что позволяет определять метаболиты и другие компоненты в организме овцы (Д.В. Затеев, 2017). На эталонные значения гематологических параметров может влиять несколько факторов, таких как порода, возраст, пол и физиологическое состояние, также – условия содержания и уровень кормления животных, и другие параметры окружающей среды. Клетки крови играют жизненно важную роль в обеспечении устойчивости к заболеваниям и в транспортировке кислорода (В.В. Муратова, 2019). Гематологические профили используются для определения и мониторинга физиологического состояния животных. Животные с хорошими гематологическими составляющими могут иметь улучшенные продуктивные функции (K.I. Jawasreh and Ismail, 2019b).

Нами изучены морфологические параметры крови у мясо-шерстных овец в разные возрастные периоды с учетом сочетаний генотипов генов *GH* и *CAST*.

Клетки крови включают три основных типа: эритроциты (красные кровяные тельца), лейкоциты (белые кровяные тельца) и тромбоциты (тромбоциты). Из этих трех компонентов эритроциты имеют решающее значение для транспортировки кислорода от легких к тканям и переносе углекислого газа из этих тканей обратно в легкие (L. Yang et al., 2009).

Количество красных кровяных телец в крови анализируемых овец с возрастом увеличивается. Однако следует отметить повышенное содержание

эритроцитов у особей АВ и ВВ генотипов гена *GH* по сравнению с животными АА генотипа: в 4-месячном возрасте на 7,1 и 5,6 %, в 10-месячном – на 6,7 и 5,0 % (таблица 23).

Таблица 23 – Особенности эритроцитарных индексов и тромбоцитов крови мясо-шерстных овец с различными генотипами гена *GH* в возрастном аспекте

Показатель	Возраст	Генотип		
		АА	АВ	ВВ
Эритроциты (RBC x10 ¹² /L)	4 месяца	8,20±0,26	8,78±0,22	8,68±0,23
	10 месяцев	9,17±0,24	9,80±0,29	9,63±0,34
Гемоглобин (HGB, g/L)	4 месяца	96,50±2,91	104,25±3,49	102,81±2,23
	10 месяцев	108,42±3,24	116,5±3,35	114,13±2,87
Гематокрит (HCT, L/L)	4 месяца	0,291±0,01	0,318±0,01	0,313±0,01
	10 месяцев	0,330±0,004	0,360±0,01*	0,350±0,01
Средний объем эритроцитов (MCV, fL)	4 месяца	35,49±0,31	36,22±0,41	36,06±0,27
	10 месяцев	35,99±0,19	36,73±0,26	36,34±0,31
Среднее содержание гемоглобина в эритроците (MCH, pg)	4 месяца	11,77±0,08	11,87±0,05	11,84±0,08
	10 месяцев	11,82±0,32	11,89±0,21	11,85±0,14
Средняя концентрация гемоглобина в эритроците (MCHC, g/L)	4 месяца	331,62±16,1	327,83±5,47	328,47±9,29
	10 месяцев	328,54±8,74	323,61±12,36	326,10±3,15
Ширина распределения эритроцитов (RDW,%)	4 месяца	12,11±0,27	12,76±0,22	12,57±0,19
	10 месяцев	12,95±0,26	14,40±0,68	13,50±0,24
Тромбоциты (PLT x 10 ⁹ /L)	4 месяца	213,0±6,37	226,66±21,84	226,00±12,30
	10 месяцев	241,28±12,21	291,83±10,74**	269,12±27,38
Средний объем тромбоцитов (MPV, fL)	4 месяца	5,18±0,12	5,21±0,06	5,28±0,06
	10 месяцев	5,26±0,05	5,37 ±0,09	5,38±0,20

Примечание - *p<0,05; **p<0,01

Гемоглобин является главным белком эритроцитов, выполняющим функцию переноса кислорода от легких к тканям организма. У исследуемых

овец концентрация гемоглобина увеличилась к 10-месячному возрасту по сравнению с 4-месячным, в соответствии с физиологическими нормами.

Однако между уровнем гемоглобина и генотипами животных по гену *GH* наблюдаются достоверные межгрупповые различия. Особи с генотипами АВ и ВВ гена *GH* отличались более высокой концентрацией гемоглобина на 8,0 и 6,5 % в возрасте 4 месяца, на 7,5 и 5,3 % в возрасте 10 месяцев, по сравнению с животными АА генотипа.

Решающую роль в транспортировке и обмене кислорода играет вязкость крови, которая зависит от объема эритроцитов в кровяном русле, то есть гематокрита (НСТ). Что касается возрастной изменчивости гематокрита у исследуемых овец, то к 10-месячному возрасту произошло увеличение этого показателя в среднем на 12,8 %.

При рассмотрении взаимосвязи полиморфных вариантов гена *GH* с уровнем гематокрита в крови мясо-шерстных овец установлены высокодостоверные межгрупповые различия. Так, животные АВ и ВВ вариантов превосходили аналогов АА генотипа в 4-месячном возрасте на 9,3 и 7,6 %, в 10-месячном – на 9,1 ($p < 0,05$) и 6,1 %.

Средний объем эритроцитов (MCV) по мере взросления исследуемых животных незначительно увеличился. Разница между различными генотипами по этому показателю также оказалась несущественной, в среднем на 1,7 % овцы АВ и ВВ вариантов превосходили аналогов АА генотипа.

Другие характеристики эритроцитов, включая средний корпускулярный гемоглобин (MCH) и среднюю концентрацию корпускулярного гемоглобина (MCHC) осуществляют функции, связанные с нарушением целостности эритроцитов (О.Н. Полозюк, Т.М. Ушакова, 2019). Величина этих показателей находилась примерно на одинаковом уровне как у 4-, так и 10-месячных животных. Также хочется отметить, что уровень рассматриваемых эритроцитарных индексов у животных разных генотипов не зависел от полиморфизма гена *GH*.

Ширина распределения эритроцитов (RDW) используется в основном для диагностики типа анемии. В наших исследованиях его значения в крови исследуемых овец находились в пределах физиологической нормы. Животные 4-месячного возраста характеризовались меньшей величиной этого показателя. Что касается разницы в ширине распределения эритроцитов между носителями генотипов AA, AB и BB гена *GH*, то следует отметить о превосходстве AB и BB генотипа над AA особями: в 4 месяца на 5,4 и 3,8 %, в 10 месяцев – на 11,2 и 4,2 %.

Тромбоциты представляют собой специализированные клетки крови, играющие центральную роль в физиологических и патологических процессах гемостаза, воспаления, заживления ран и защиты хозяина (К. Jurk et al., 2005).

Содержание тромбоцитов в крови изучаемых ягнят всех генотипов увеличивалось по мере роста в среднем на 20,3 %. Однако за общностью возрастных изменений, сводившихся к увеличению концентрации тромбоцитов, выявлены межгрупповые особенности в зависимости от полиморфизма гена *GH*. Так, молодняк генотипов AB и BB превосходил аналогов AA генотипа по данному показателю на 6,4 и 6,1 % в возрасте 4 месяца, на 21,0 ($p < 0,01$) и 11,5 % – в 10 месяцев.

При изучении эритроцитарных характеристик у молодняка мясошерстных овец по гену *CAST* в возрастном аспекте наблюдается аналогичная закономерность, характерная для эритроцитарных индексов по гену *GH*. Отмечается более высокое содержание эритроцитов, уровня гемоглобина, гематокрита и ширины распределения эритроцитов в крови ягнят в возрасте 10 месяцев по сравнению с 4-месячным. Количество тромбоцитов с возрастом животных также увеличивается.

При оценке взаимосвязи генотипов гена *CAST* с количеством эритроцитов отмечена незначительная разница для овец гетерозиготного генотипа MN, в сравнении с гомозиготным вариантом MM как в возрасте 4 месяца, так и в 10-месячном, составившая 3,0 и 2,4 %. В концентрации

гемоглобина у овец разных генотипов гена *CAST* не выявлено достоверных межгрупповых различий (таблица 24).

Таблица 24 – Особенности эритроцитарных индексов и тромбоцитов крови мясо-шерстных овец с различными генотипами гена *CAST* в возрастном аспекте

Показатель	Возрастной период, мес.	Генотип	
		ММ	MN
Эритроциты (RBC x10 ¹² /L)	4 месяца	8,54±0,16	8,80±0,19
	10 месяцев	9,51±0,19	9,74±0,24
Гемоглобин (HGB, g/L)	4 месяца	101,56±2,04	102,50±3,75
	10 месяцев	113,50±1,82	114,50±7,79
Гематокрит (HCT, L/L)	4 месяца	0,307±0,008	0,317±0,01
	10 месяцев	0,345±0,007	0,353±0,01
Средний объем эритроцитов (MCV, fL)	4 месяца	35,95±0,20	36,02±0,59
	10 месяцев	36,28±0,17	36,24±0,53
Среднее содержание гемоглобина в эритроците (MCH, pg)	4 месяца	11,89±0,04	11,60±0,009*
	10 месяцев	11,93±0,10	11,75±0,52
Средняя концентрация гемоглобина в эритроците (MCHC, g/L)	4 месяца	330,81±6,73	323,34±4,52
	10 месяцев	328,99±4,87	324,36±13,11
Ширина распределения эритроцитов (RDW,%)	4 месяца	12,46±0,15	12,78±0,23
	10 месяцев	13,70±0,27	13,03±0,41
Тромбоциты (PLT x 10 ⁹ /L)	4 месяца	222,96±11,00	222,67±18,56
	10 месяцев	269,83±12,84	259,00±29,22
Средний объем тромбоцитов (MPV, fL)	4 месяца	5,20±0,05	5,33±0,12
	10 месяцев	5,35±0,09	5,39±0,14

Примечание - *p<0,01

По уровню гематокрита между животными ММ и MN генотипов наблюдается небольшая разница, составляющая 3,2 % у 4-месячных овец и 2,3 % у 10-месячных.

Такие показатели как средний объем эритроцитов (MCV) и среднее содержание гемоглобина в эритроците (MCH) не изменялись по мере роста и развития овец и находились в пределах физиологической нормы. Между животными различных генотипов гена *CAST* по среднему объему эритроцитов не наблюдается различий. Небольшая разница установлена в

среднем содержании гемоглобина в эритроците на 2,5 % для овец генотипа MM, в сравнении с MN особями.

Ширина распределения эритроцитов увеличивалась у исследуемых овец в зависимости от возраста. Что касается полиморфизма гена *CAST* и его взаимосвязи с данным показателем, то можно отметить незначительное превосходство по ширине распределения эритроцитов у гетерозиготных MN особей в 4-месячном возрасте на 2,5 % над гомозиготным MM вариантом. В возрасте 10 месяцев наблюдается повышенная величина этого показателя у гомозиготного варианта на 5,1 %, в сравнении с гетерозиготами.

Количество тромбоцитов в крови ягнят увеличивалось к 10-месячному возрасту в среднем на 18,7 % в сравнении с 4-месячными животными. Однако по данному показателю не выявлено существенной разницы между 4-месячными животными с MM и MN генотипами по гену *CAST*. В 10-месячном возрасте овцы MM генотипа превосходили сверстниц MN генотипа на 4,2 %.

Еще один тип клеток в составе крови, которые играют немаловажную роль в защите организма от чужеродных захватчиков и инфекционных заболеваний – это лейкоциты (Н. Kutlu et al., 2020). Лейкоциты гораздо менее многочисленны в крови, чем эритроциты, их количество составляет менее 1% от общего объема крови. Существует несколько различных типов лейкоцитов, различающихся по размеру, структуре и функциям. Они содержат ядра и другие органеллы, но не содержат гемоглобина. В совокупности они формируют основную защиту организма от болезней; защищая от повреждения патогенами и удаляя поврежденные клетки, токсины и отходы производства (А. Glenn and С. Е. Armstrong, 2019).

Количество лейкоцитов в крови опытных овец разных генотипов гена *GH* увеличивается по мере роста ягнят в среднем на 37,8 %. Рассматривая взаимосвязь полиморфизма гена *GH* и содержания лейкоцитов можно отметить превышение этого показателя у животных генотипов АВ и ВВ, в

сравнении с генотипом АА: в 4-месячном возрасте на 13,2 и 10,9 %, в 10-месячном – на 8,4 ($p < 0,001$) и 7,8 % (таблица 25).

Таблица 25 – Лейкоцитарная формула крови мясо-шерстных овец с различными генотипами гена *GH* в возрастном аспекте

Показатель	Возрастной период, мес.	Генотип		
		АА	АВ	ВВ
Лейкоциты (WBCx 10 ⁹ /L)	4 месяца	5,32±0,40	6,02±0,18	5,90±0,32
	10 месяцев	7,52±0,68	8,15±0,33*	8,11±0,18
Лимфоциты (Lym, %)	4 месяца	47,91±0,96	46,97±0,82	46,73±0,97
	10 месяцев	46,74±0,89	47,32±1,28	47,04±1,16
Т-лимфоциты (%)	4 месяца	24,75±0,41	27,50±0,42*	27,38±0,32*
	10 месяцев	27,72±0,86	33,58±0,52*	33,09±0,38*
В-лимфоциты (%)	4 месяца	18,37±0,46	20,83±0,40***	20,63±0,40***
	10 месяцев	25,20±0,51	29,23±0,38*	29,05±0,37*
Моноциты (Mon, %)	4 месяца	4,69±0,31	5,69±0,29**	4,77±0,30
	10 месяцев	4,93±0,45	5,10±0,11	5,40±0,21
Гранулоциты (Gran, %)	4 месяца	47,39±0,82	46,42±0,55	48,50±0,76
	10 месяцев	48,33±0,72	47,58±1,29	47,56±1,06

Примечание - * $p < 0,001$; ** $p < 0,05$; *** $p < 0,01$

Лимфоциты представляют собой разновидность лейкоцитов и составляют около 25 % общего содержания лейкоцитов, являются частью адаптивной иммунной системы. Лимфоциты подразделяются на несколько групп, основными из них являются Т-лимфоциты и В-лимфоциты (J. Prinyakupt и С. Pluempitiwiriyawej, 2015).

Значимых возрастных изменений в содержании лимфоцитов в крови изучаемых овец не установлено. Однако отмечены некоторые межгрупповые различия в зависимости от полиморфных вариантов гена *GH*. Так, 4-месячный молодой АВ и ВВ генотипа незначительно уступал сверстникам АА генотипа по данному показателю, составив разницу в 2,0 и 2,5 %.

Т-лимфоциты и В-лимфоциты обеспечивают в организме клеточный и гуморальный иммунитет. По мере взросления животных происходит увеличение Т-клеток на 18,3 %, В-клеток – на 39,2 %. Сравнительный анализ содержания Т-лимфоцитов в крови овец с разными генотипами гена *GH* выявил превосходство носителей генотипов АВ и ВВ над аналогами АА варианта: в 4-месячном возрасте на 11,1 ($p < 0,001$) и 10,6 % ($p < 0,001$), в 10-месячном – на 21,1 ($p < 0,001$) и 19,4 % ($p < 0,001$). Согласно анализу в крови овец АВ и ВВ генотипов наблюдалось большее содержание В-лимфоцитов по сравнению с АА генотипом: в возрасте 4 месяца на 13,4 ($p < 0,01$) и 12,3 % ($p < 0,01$); в возрасте 10 месяцев – на 16,0 ($p < 0,001$) и 15,3 % ($p < 0,001$).

Моноциты являются клетками-предшественниками для мононуклеарной фагоцитарной системы, которая включает такие клетки, как макрофаги. Моноциты – это клетки врожденного иммунитета.

Полученные данные свидетельствуют об увеличении количества моноцитов у овец АА и ВВ генотипов по мере взросления на 5,1 и 13,2 %, у животных АВ генотипа, напротив, произошло снижение содержания данного показателя на 11,6 %. Максимальное содержание моноцитов, составившее 5,69 %, отмечено у овец АВ генотипа в 4-месячном возрасте, что выше на 21,3 ($p < 0,05$) и 19,3 %, в сравнении с генотипами АА и ВВ соответственно. В 10-месячном возрасте установлено превосходство по количеству моноцитов у животных АВ и ВВ генотипов на 3,4 и 9,5 %, по сравнению с особями АА генотипа.

Гранулоциты включают в себя нейтрофилы, базофилы и эозинофилы. Все эти клетки имеют азурофильные гранулы (лизосомы) и специфические гранулы, которые содержат вещества, уникальные для функции каждой клетки, главная из которых это защита организма от инфекций (А. Tigner et al., 2021). В содержании гранулоцитов в крови исследуемого поголовья отмечена незначительная разница как в зависимости от возраста, так и с учетом полиморфных вариантов гена *GH*.

При рассмотрении взаимосвязи аллельного полиморфизма гена *CAST* с содержанием лейкоцитарных клеток в крови изучаемых животных выявлены особенности, зависящие как от возраста, так и от вариантов генотипов (таблица 26).

Таблица 26 – Лейкоцитарная формула крови мясо-шерстных овец с различными генотипами гена *CAST* в возрастном аспекте

Показатель	Возрастной период, мес.	Генотип	
		MM	MN
Лейкоциты (WBCx 10 ⁹ /L)	4 месяца	5,73±0,19	6,11±0,33
	10 месяцев	7,77±0,24	8,60±0,77
Лимфоциты (Lym, %)	4 месяца	46,84±0,59	48,15±1,26
	10 месяцев	46,81±0,66	47,87±1,52
Т-лимфоциты (%)	4 месяца	26,50±0,38	26,30±1,03
	10 месяцев	31,68±0,65	32,76±0,79 3,4
В-лимфоциты (%)	4 месяца	19,88±0,39	19,75±0,85
	10 месяцев	27,96±0,45	28,81±0,76 3
Моноциты (Mon, %)	4 месяца	5,04±0,18	5,73±0,54 13,7
	10 месяцев	5,24±0,18 6,5	4,92±0,16
Гранулоциты (Gran, %)	4 месяца	47,65±0,46	46,10±1,09
	10 месяцев	47,94±0,62	47,20±1,37

Установлено, что количество лейкоцитов у овец увеличилось к 10-месячному возрасту в среднем на 38,2 % по сравнению с 4-месячными ягнятами. Животные MN генотипа характеризовались повышенным содержанием лейкоцитов в отличие от MM варианта: в 4 месяца – на 6,6 %, в 10 месяцев – на 10,7 %.

Содержание лимфоцитов в крови исследуемых животных по мере роста и развития не претерпело существенных изменений. Что касается взаимосвязи полиморфизма гена *CAST* с количеством лимфоцитов, то установлены незначительные различия между генотипами: животные MM

генотипа превосходили особей MN генотипа на 2,3 и 2,8 % в 4- и 10-месячном возрасте соответственно.

Процентное содержание Т- и В-лимфоцитов с возрастом овец увеличилось на 22,1 и 43,2 % соответственно. Особи гомозиготного MM генотипа уступали гетерозиготному генотипу MN по количеству иммунокомпетентных клеток в 10-месячном возрасте на 3,4 и 3,0 %.

Количество моноцитов у животных MN генотипа гена *CAST* в возрасте 10 месяцев оказалось выше на 4,0 %, по сравнению с молодняком 4-месячного возраста. У гомозиготных овец, напротив, отмечено снижение этого показателя к 10-месячному возрасту на 16,5 %. Анализ содержания моноцитов между разными вариантами генотипов показал преимущество гетерозиготных MN особей по рассматриваемому параметру на 13,7 % в 4-месячном возрасте, в сравнении с носителями MM варианта. Однако в возрасте 10 месяцев наблюдается превосходство животных MM генотипа по количеству моноцитов на 6,5% по отношению к аналогам MN генотипа.

По содержанию гранулоцитов в крови анализируемого поголовья не обнаружено существенной разницы в зависимости от возраста. При сравнении двух генотипов между собой выявлена лишь незначительная разница в 4-месячном возрасте, составившая 3,3 % в пользу особей MM генотипа.

В работах зарубежных и отечественных источников литературы имеется незначительное количество исследований о влиянии полиморфизмов генов *GH* и *CAST* на морфологические параметры крови. Так, Н.В. Широковой (2020) изучен гематологический профиль баранчиков волгоградской породы различных генотипов гена *GH*. Автором отмечено высокое содержание эритроцитов в крови овец гетерозиготного АВ генотипа, но более низкое – лейкоцитов и тромбоцитов, в сравнении с гомозиготными генотипами AA и BB.

В исследовании К.И. Jawasreh и Z.B. Ismail (2019b) было обнаружено, что в крови ягнят с гетерозиготным MN генотипом гена *CAST* обнаружено

повышенное процентное содержание нейтрофилов и пониженное – лимфоцитов, чем у молодняка NN генотипа.

Таким образом, изучив эритроцитарные и лейкоцитарные индексы анализируемых овец в зависимости от генотипов гена *GH* можно отметить, что присутствие аллеля В обеспечивало более высокое содержание эритроцитов, количество эритроцитов, а также Т- и В-лимфоцитов в крови животных. В зависимости от аллельных вариантов гена *CAST* наблюдалась незначительная межгрупповая разница между этими показателями.

3.4.2 Неспецифическая резистентность у исследуемых овец

Иммунная система животного организма имеет приспособительные механизмы, ответственные за защиту от бактериальной инвазии, включающих выработку антибактериальных соединений, то есть защитных белков, действие которых можно оценить по бактерицидной активности сыворотки крови (L.S. Takahashi et al., 2013).

Лизоцим также является основным гуморальным фактором врожденного иммунитета у животных, активно участвующем в формировании системной защиты от бактериальных патогенов. Известна эффективность лизоцима против грамположительных бактерий и некоторых вирусов (N. Sutthi et al., 2020).

Бактерицидная и лизоцимная активность сыворотки крови являются важными инструментами для анализа иммунной системы. Поэтому нами была изучена взаимосвязь показателей неспецифической резистентности с полиморфными вариантами генов *GH* и *CAST* у мясо-шерстных овец.

Анализ параметров неспецифической резистентности молодняка овец в возрастном аспекте указывает на увеличение БАСК и ЛАСК в сыворотке крови овец 10-месячного возраста по сравнению с 4-месячными в среднем на 13,2 и 23,9 % по гену *GH*, на 14 и 25 % по гену *CAST* (таблица 27).

Таблица 27 – Показатели неспецифической резистентности мясошерстных овец с различными генотипами генов *GH* и *CAST*, %

Показатель	Возрастной период, мес.	Генотип		
		AA	AB	BB
Ген <i>GH</i>				
БАСК	4 месяца	37,16±0,57	40,23±0,68***	39,52±0,46***
	10 месяцев	41,77±0,56	45,37±0,64*	45,22±0,82***
ЛАСК	4 месяца	25,75±0,67	28,75±1,37**	27,52±0,91
	10 месяцев	31,87±0,41	34,87±0,65***	34,86±0,77***
Ген <i>CAST</i>				
Генотип		MM	MN	
БАСК	4 месяца	38,76±0,49	39,25±0,69	
	10 месяцев	44,34±0,54	44,57±1,28	
ЛАСК	4 месяца	26,93±0,64	28,46±1,41	
	10 месяцев	34,01±0,51	34,46±0,93	

Примечание - * $p < 0,001$; ** $p < 0,05$; *** $p < 0,01$

В зависимости от полиморфных вариантов генов *GH* и *CAST* различия в изучаемых показателях носили разнородный характер, особи с аллелем В гена *GH* отличались повышенными показателями БАСК и ЛАСК независимо от возраста. У животных с аллелем N гена *CAST* существенная разница отмечена лишь в 4-месячном возрасте в концентрации ЛАСК.

Так, молодняк генотипов АВ и ВВ гена *GH* превосходил овец АА генотипа по уровню БАСК на 8,3 ($p < 0,01$) и 6,3 % ($p < 0,01$) в возрасте 4 месяца, на 8,6 ($p < 0,001$) и 8,2 % ($p < 0,01$) в возрасте 10 месяцев. По процентному содержанию ЛАСК превосходство составило: в 4-месячном возрасте 11,7 ($p < 0,05$) и 6,9 %, в 10-месячном – 9,4 ($p < 0,001$) и 9,4 % ($p < 0,001$).

У овец разных генотипов гена *CAST* показатели неспецифической резистентности характеризовались практически одинаковой величиной.

Достоверное превосходство, в 5,7 %, выявлено у молодняка MN генотипа в 4-месячном возрасте по лизоцимной активности сыворотки крови, в сравнении с аналогами MM генотипа.

Нашими исследованиями выявлено, что существуют статистически значимые различия между группами овец разных генотипов гена *GH* в отношении параметров неспецифической защиты в сыворотке крови. Можно предположить, что присутствие аллеля В привело к усилению механизма неспецифического иммунного ответа у изучаемых овец.

3.4.3 Особенности белкового обмена

Биохимические показатели крови могут дать некоторое представление о состоянии здоровья, а также о потенциале продуктивности жвачных животных (V.O. Ojo et al., 2019). Исходя из этого были изучены параметры белкового обмена у мясо-шерстных овец в зависимости от генотипов генов *GH* и *CAST* в 4- и 10-месячном возрасте.

Полученные результаты свидетельствуют об изменении белковых метаболитов на разных этапах выращивания молодняка, а также в зависимости от аллельных вариантов исследуемых генов.

С возрастом концентрация общего белка у опытных овец увеличивается. При этом явное преимущество по его содержанию наблюдалось в крови ягнят АВ и ВВ генотипов гена *GH*: в 4-месячном возрасте на 6,3 и 5,1 %; 10-месячном – на 7,7 ($p < 0,001$) и 6,7 % ($p < 0,001$) в сравнении со сверстницами генотипа АА. У молодняка разных вариантов генотипов гена *CAST* разница в содержании белка в возрасте 4 месяца оказалась незначительной, в возрасте 10 месяцев особи MN генотипа на 3,5 % превосходили ягнят MM генотипа (таблица 28).

Таблица 28 – Метаболиты белкового обмена мясо-шерстных овец с различными генотипами генов *GH* и *CAST*

Показатель	<i>GH</i>			<i>CAST</i>		
	AA	AB	BB	MM	MN	
4 месяца						
Общий белок, г/л	66,51 ±1,95	70,67±1,72	69,90±1,36	68,30±0,87	69,14±3,79**	
Альбумины, г/л	32,46±1,13	34,82±1,019	34,55±0,65	33,66±0,48	33,59±2,22	
Глобулины, г/л	34,05±0,91	35,85±0,72	35,35±0,73	34,64±0,42	35,55±1,61	
Фракции глобулина, г/л	α	8,50±0,22	8,67±0,22	8,62±0,14	8,53±0,34	8,53±0,34
	β	6,67±0,27	7,11±0,24	6,69±0,16	6,99±0,38	6,99±0,38
	γ	18,88±0,65	20,07±0,62	19,33±0,32	20,03±1,17	20,03±1,17**
Коэффициент А/Г	0,95	0,97	0,98	0,97	0,94	
Мочевина, ммоль/л	5,30±0,07	4,78±0,18***	4,93±0,18	5,06±0,09	4,82±0,27	
Креатинин, мкмоль/л	149,70±3,95	139,60±3,49	137,68±5,66	142,80±3,33	141,54±4,84	
10 месяцев						
Общий белок, г/л	67,17±1,95	72,35±1,08*	71,70±1,57*	70,30±1,06	72,78±1,58	
Альбумины, г/л	30,17±0,73	32,78±0,72**	32,70±0,82**	31,94±0,54	32,66±1,11	
Глобулины, г/л	37,0±1,22	39,57±0,42**	39,0±0,77	38,36±0,55	40,12±0,63	
Фракции глобулина, г/л	α	9,14±0,22	9,42±0,13	9,35±0,14	9,27±0,12	9,27±0,12
	β	6,78±0,31	7,65±0,17	7,19±0,17	7,49±0,15	7,49±0,15
	γ	21,08±0,87	22,50±0,30	21,82±0,38	23,36±0,52	23,36±0,52
Коэффициент А/Г	0,82	0,83	0,84	0,83	0,82	
Мочевина, ммоль/л	5,42±0,16	4,89±0,17**	4,99±0,13**	5,09±0,11	4,91±0,21	
Креатинин, мкмоль/л	159,84±4,78	147,27±3,29**	145,92±2,58***	150,85±2,56	146,64±3,91	

Примечание - * $p < 0,001$ ** $p < 0,05$; *** $p < 0,01$

Наибольшим количеством альбуминов в 4-месячном возрасте характеризовались овцы АВ и ВВ генотипов гена *GH* на 7,3 и 6,4 % в отличие от сверстниц АА генотипа. По гену *CAST* достоверных различий в концентрации альбумина в крови молодняка разных генотипов 4-месячного возраста не наблюдалось. В возрасте 10 месяцев животные генотипов АВ и ВВ гена *GH* также отличаются более высоким уровнем альбумина на 8,7 ($p < 0,05$) и 8,4 % ($p < 0,05$), чем овцы генотипа АА. Анализ содержания сывороточного альбумина в зависимости от генотипов гена *CAST* показал межгрупповые различия: молодняк MN генотипа на 2,3 % превосходил животных MM генотипа по уровню исследуемого показателя.

Концентрация глобулина в крови исследуемых овец увеличилась к 10-месячному возрасту по сравнению с 4-месячным: по гену *GH* в среднем на 9,7 %, гену *CAST* – на 11,8 %. При этом явное преимущество по содержанию глобулинов было за животными АВ и ВВ генотипов гена *GH* и MN генотипа гена *CAST*. В 4-месячном возрасте на 5,3 и 3,4 %, в 10-месячном – на 6,9 ($p < 0,05$) и 5,4 % овцы генотипов АВ и ВВ превосходили особей AA генотипа. Разница по показателям глобулина между молодняком генотипов MN и MM составила: в 4 месяца – 2,6 %, в 10 месяцев – 4,6 % ($p < 0,05$).

Величина коэффициента А/Г, характеризующего отношение альбуминовых и глобулиновых фракций, уменьшилась к 10-месячному возрасту, что согласуется с общими закономерностями растущего организма.

Мочевина и креатинин являются продуктами белкового метаболизма, которые в некотором роде могут служить критерием оценки интенсивности обменных процессов в организме изучаемых овец.

При рассмотрении взаимосвязи аллельного полиморфизма генов *GH* и *CAST* с показателями мочевины и креатинина в крови анализируемого молодняка в разные возрастные периоды выявлены особенности, зависящие от вариантов генотипов.

Установлено, что самая высокая концентрация мочевины оказалась в крови животных гомозиготных генотипов AA и MM рассматриваемых генов. Так, по гену *GH* разница составила: в 4-месячном возрасте 10,9 и 7,5 %, в 10-месячном – 10,8 и 8,6 % по сравнению с носителями генотипов АВ и ВВ. По гену *CAST* животные гомозиготного генотипа превосходили гетерозиготных особей в 4-месячном возрасте на 5,0 %; в 10-месячном – на 3,7 %.

Наибольшие показатели креатинина также выявлены в крови молодняка гомозиготных генотипов генов *GH* и *CAST*. Так, особи AA генотипа гена *GH* превосходили по данному показателю аналогов АВ и ВВ генотипов с разницей: в 4 месяца на 7,2 ($p < 0,05$) и 8,7 % ($p < 0,05$); в 10 месяцев – на 8,5 ($p < 0,05$) и 9,5 % ($p < 0,01$). У ягнят генотипа MM гена *CAST* обнаружена незначительная разница в концентрации креатинина по

сравнению с MN генотипом составившая 1,0 и 2,9 % в 4-месячном и 10-месячном возрасте соответственно.

Результатами исследований М. Vozhilova-Sakova и I.Dimitrova (2021) установлены статистически значимые влияния полиморфных вариантов гена *CAST* на содержание мочевины и креатинина.

В качестве надежного критерия, позволяющего судить о состоянии здоровья опытного молодняка, и как следствие его продуктивности, могут выступать ферменты переаминирования (Н.А.Н. Al-Hadithy, 2013).

Сравнительный анализ показателей АСТ и АЛТ в крови опытных ягнят разных генотипов генов *GH* и *CAST* выявил существенные различия, как в возрастном аспекте, так и в зависимости от аллельного состояния гена.

Как показывают данные таблицы 29 активность ферментов переаминирования в зависимости от генотипов гена *GH* возрастает по мере взросления животных в среднем на 7,7 и 9,7 %. Однако, несмотря на общие возрастные изменения ферментативной активности, выявлены межгрупповые особенности, связанные с исследуемыми генотипами гена *GH*. Активность АСТ была выше у животных АВ и ВВ генотипов по сравнению с особями генотипа АА: в 4-месячном возрасте на 13,5 и 5,5 %, в 10-месячном – на 10,3 и 9,5 %. По активности АСТ наблюдается аналогичная закономерность, носители генотипов АВ и ВВ превосходили аналогов АА генотипа по данному показателю на 10,4 и 5,1 % в 4 месяца, 12,8 и 9,4 % в 10 месяцев.

Таблица 29 – Активность ферментов переаминирования в сыворотке крови мясо-шерстных овец с различными генотипами гена *GH*

Показатель	Возрастной период, мес.	Генотип		
		АА	АВ	ВВ
Аспаратамино-трансфераза (АСТ), мккат/л	4 месяца	0,541±0,01	0,614±0,03	0,571±0,02
	10 месяцев	0,581±0,02	0,641±0,01	0,636±0,01
Аланинамино-трансфераза (АЛТ), мккат/л	4 месяца	0,335±0,008	0,370±0,02	0,352±0,01
	10 месяцев	0,360±0,01	0,406±0,02	0,394±0,008

Активность ферментов переаминирования в крови исследуемых ягнят различных полиморфных вариантов гена *CAST* нарастает по мере их взросления в среднем на 10,8 и 13,1 % (таблица 30).

Таблица 30 – Активность ферментов переаминирования в сыворотке крови мясо-шерстных овец с различными генотипами гена *CAST*

Показатель	Возрастной период, мес.	Генотип	
		ММ	MN
Аспаргатамино-трансфераза (АСТ), мккат/л	4 месяца	0,569±0,02	0,573±0,01
	10 месяцев	0,618±0,01	0,647±0,02
Аланинамино-трансфераза (АЛТ), мккат/л	4 месяца	0,348±0,009	0,355±0,008
	10 месяцев	0,386±0,008	0,409±0,02

Наряду с этим, установлено наиболее высокая активность трансаминаз у гетерозиготных овец генотипа MN в 10-месячном возрасте, с разницей, составившей 4,7 и 6,0 %, в сравнении с молодняком ММ генотипа.

Обобщая результаты анализа белкового обмена в крови мясо-шерстных ягнят, можно сделать заключение, что более высокое содержание общего белка, ферментов переаминирования и относительно низкое содержание продуктов распада белка в организме гетерозиготных овец как по гену *GH*, так и *CAST* вероятнее всего связано с более активным включением белка в процессы обмена.

3.5 Экономическая оценка результатов исследований

Важными критериями экономической оценки мясо-шерстных овец разных генотипов служили следующие параметра: убойная масса, затраты на содержание животных, прибыль, уровень рентабельности. При определении реализационной стоимости продукции (баранины в тушках) определялись фактические реализационные рыночные цены, сложившиеся в период проведения экспериментальной части работы. Затраты на содержание

животных в расчете на одну голову были аналогичны для всех исследуемых овец.

Расчёт экономической эффективности реализации на мясо молодняка овец с учетом сочетаний генотипов по гену *GH* свидетельствует, что от ярок АВ и ВВ генотипов получено больше продукции (баранины в тушках), чем от овец АА генотипа, что оказало влияние на увеличение прибыли (на 204,6 и 235,4 руб.) и отразилось в уровне рентабельности (7,2 и 8,3 %) (таблица 31).

Таблица 31 – Экономическая эффективность реализации на мясо молодняка мясо-шерстных овец с различными генотипами генов *GH* и *CAST*

Показатель	<i>GH</i>			<i>CAST</i>	
	АА	АВ	ВВ	ММ	МN
Убойная масса, кг	14,65	15,58	15,72	15,21	16,0
Реализационная цена 1 кг баранины в тушках, руб.	220	220	220	220	220
Затраты на содержание (с учетом генотипирования) 1 гол., руб.	2849	2849	2849	2849	2849
Стоимость продукции, руб.	3223	3427,6	3458,4	3346,2	3520
Прибыль, руб.	374,0	578,6	609,4	497,2	671,0
Уровень рентабельности, %	13,1	20,3	21,4	17,5	23,6

При расчёте экономической эффективности реализации на мясо молодняка овец в зависимости от генотипов гена *CAST* установлено, что от животных МN генотипа получено больше продукции, по сравнению аналогами ММ генотипа, что оказало влияние на увеличение прибыли на 173,8 руб. и уровень рентабельности 6,1 %.

Принимая во внимание результаты нашего исследования, селекция с учетом полиморфизма генов *GH* и *CAST* гарантированно улучшает качественные и количественные характеристики мясной продуктивности у овец, и в дальнейшем будет иметь значительную экономическую ценность для сельхозорганизаций, занимающихся разведением овец.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

В результате проведенных исследований получены сведения о полиморфизме генов *GH* и *CAST* и их связи с признаками мясной продуктивности у мясо-шерстных овец. На основании проведенных исследований сделаны следующие выводы:

1. Полиморфизм генов *GH* и *CAST* в популяции мясо-шерстных овец ($\frac{1}{2}$ ПД \times $\frac{1}{2}$ СК) представлен двумя аллелями с разной частотой встречаемости: А – 0,51; В – 0,49 и N – 0,06; М – 0,94 соответственно. Выявлены три генотипа для гена *GH* (АА – 29,7; АВ – 42,8 и ВВ – 27,5 %) и два – для *CAST* (ММ – 87,9 и MN – 12,1 %) и определены различия в распределении частоты встречаемости генотипов в изученных полиморфных вариантах генов. Установлено, что наибольшей частотой встречаемости по гену *GH* характеризовался гетерозиготный генотип АВ (42,8 %), по гену *CAST* – гомозиготный вариант ММ (87,9 %).

2. Оценка интенсивности роста и развития в исследуемой популяции мясо-шерстных овец с разными генотипами гена *GH* позволила установить, что овцы с АВ и ВВ генотипами во все изученные возрастные периоды превосходили животных АА генотипа по показателям живой массы: в возрасте 1 месяца – на 9,1 и 5,1 %; 4 месяцев – на 6,5 и 5,6 %; 10 месяцев на – 5,0 и 4,5 % ($p < 0,01$). Овцы генотипа MN гена *CAST* отличались лучшей живой массой по сравнению с аналогами ММ генотипа: в возрасте 4 месяца – на 5,4 %, в 8 и 10 месяцев – на 2,4 и 3,2 %.

3. Рассматривая морфологический и биохимический состав крови исследуемых животных, выявили, что для овец АВ и ВВ генотипов во все изученные периоды наблюдений (4 и 10 месяцев) было характерно большее количество эритроцитов в среднем на 5,0 и 7,1 %, уровня гемоглобина – на 5,3 и 8,0 %, уровня сывороточного белка – на 5,1 и 7,7 %, по сравнению с животными АА генотипа гена *GH*. Среди генотипов гена *CAST* установлена незначительная разница для особей MN генотипа в сравнении с ММ

вариантом по количеству эритроцитов на 3,0 и 2,4 %, концентрации общего белка – на 1,2 и 3,5 %.

4. Установлены различия в содержании Т- и В-лимфоцитов в крови овец в зависимости от сочетаний генотипов гена *GH*: особи с генотипами АВ и ВВ отличались высоким содержанием Т-клеток в возрасте 4 месяца на 11,1 и 10,6 %, 10 месяцев – на 21,1 и 19,4 % ($p < 0,001$), В-клеток – на 13,4 и 12,3 %; 16,0 и 15,3 % ($p < 0,001$) соответственно.

5. Выявлена взаимосвязь показателей неспецифической резистентности с разными генотипами гена *GH*: особи АВ и ВВ генотипов отличались высоким уровнем показателей гуморального иммунитета БАСК и ЛАСК в возрасте 4 месяца в среднем на 6,3 ($p < 0,01$) и 11,7 % ($p < 0,05$) % в 10 месяцев – на 8,2 % ($p < 0,01$) и 9,4 % ($p < 0,001$) по сравнению с АА генотипом. У животных с генотипом MN гена *CAST* существенная разница отмечена лишь в 4-месячном возрасте в концентрации ЛАСК.

6. При рассмотрении количественно-качественных показателей мясной продуктивности у мясо-шерстных овец с учетом полиморфности генов *GH* и *CAST* установлено, что особи с генотипами АВ, ВВ гена *GH* и MN гена *CAST* превосходили животных гомозиготных генотипов: по массе парной туши – на 7,2; 8,2 и 5,5 %, убойной массе – на 7,1; 8,1 и 5,4 %, убойному выходу – на 1,7; 1,8 и 1,2 абс. %, содержанию мышечной ткани в туше – на 10,9; 12,7 и 6,1 %, коэффициенту мясности – 15,4; 18,6 и 2,4 %.

7. Химический состав мышечной ткани у животных АВ и ВВ генотипов гена *GH* характеризовался большим количеством протеина (14,5 и 8,6 %), меньшим содержанием золы и общей влаги в сравнении с АА генотипом. В мышечной ткани изучаемых овец в зависимости от генотипов гена *CAST* содержалось больше общей влаги и сырого протеина у MN генотипа на 1,5 и 2,4 %, но меньше сухого вещества на 2,9 %, по сравнению с гомозиготными ММ особями. Отмечено превосходство в содержании сырого жира и золы у животных ММ варианта над овцами генотипа MN, с разницей в 20,1 и 14,5 %.

8. Исследования аминокислотного состава длиннейшей мышцы спины показали высокое содержание аминокислот у овец генотипов АВ, ВВ гена *GH* и генотипа MN гена *CAST*. Наибольшая разница выявлена в содержании метионина и тирозина в мясе особей АВ и ВВ генотипов в сравнении с АА вариантом гена *GH*, составившая 53,8 и 27,0; 25,2 и 13,2 %. Сумма незаменимых и заменимых аминокислот оказалась выше у АВ и ВВ генотипов на 21,1 и 11,2 %; 19,4 и 10,7 % в сравнении с особями генотипа АА. Полученные данные об аминокислотном профиле мяса в зависимости от генотипов гена *CAST* исследуемых овец свидетельствуют о повышенном содержании лейцина и валина у MN генотипа в сравнении с MM генотипом.

9. Микроструктурной оценкой мышечной ткани исследуемых овец в зависимости от генотипов генов *GH* и *CAST* выявлено, что мышечная ткань особей с генотипами АВ, ВВ и MN характеризовалась бóльшим количеством мышечных волокон на 5,7; 6,4 и 2,9 %, меньшим их диаметром на 7,6; 9,2 и 3,9 %, меньшим содержанием соединительной ткани по сравнению с АА и MM генотипами рассматриваемых генов.

10. Расчет экономической эффективности реализации на мясо молодняка овец показал, что от особей с генотипами АВ и ВВ гена *GH* и MN гена *CAST* получено больше прибыли, что повлияло на уровень рентабельности (6,1–8,3 %).

ПРЕДЛОЖЕНИЯ ПРОИЗВОДСТВУ

С целью повышения эффективности отбора особо ценных животных рекомендуется осуществлять генотипирование овец для выявления носителей генетических маркеров продуктивности по генам соматотропина и кальпастатина. Для дальнейшего использования в селекции, направленной на повышение уровня и характера мясной продуктивности, целесообразно отбирать животных – носителей аллеля В гена *GH* и аллеля N гена *CAST*.

ПЕРСПЕКТИВЫ ДАЛЬНЕЙШЕЙ РАЗРАБОТКИ ТЕМЫ

Формирование стад с учетом генетических параметров генов *GH* и *CAST* будет способствовать созданию массива животных – носителей селекционно важных генетических структур, широкое использование которых значительно ускорит селекционный процесс, сделает его более точным и менее затратным.

СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННОЙ ЛИТЕРАТУРЫ

1. Абдулмуслимов, А.М. Анализ полиморфизма генов CAST, GH и GDF9 у овец дагестанской горной породы / А.М. Абдулмуслимов, А.А. Хожоков, И.С. Бейшова, Ю.А. Юлдашбаев, А.Н. Арилов, С.А. Хататаев // Зоотехния. – 2020. – №. 11. – С. 5-8.
2. Абилов, Б.Т. Биологически активные вещества в кормлении молодняка овец и коз / Б.Т. Абилов, И.А. Синельщикова, Л.А. Пашкова // Информационный бюллетень Национального союза овцеводов. – 2015. – №. 2. – С. 71-73.
3. Абонеев, В.В. Методика оценки мясной продуктивности овец / В.В. Абонеев, Ю.Д. Квитко, И.И. Селькин // Методические рекомендации для научных сотрудников, аспирантов, студентов и практических работников в области овцеводства. – Ставрополь: СНИИЖК, 2009. – 36 с.
4. Абонеев, В.В. Селекционные и технологические приемы повышения конкурентоспособности тонкорунного овцеводства / В.В. Абонеев, Н.В. Коник // Овцы, козы, шерстяное дело. – 2015. – №. 3. – С. 3-5.
5. Амерханов, Х.А. Современные реалии российского овцеводства / Х.А. Амерханов // Сельскохозяйственный журнал. – 2017. – Т. 1. – №. 10. – С. 3-7.
6. Бакоев, Н.Ф. Характеристика генетических и продуктивных особенностей овец тонкорунных пород: автор. дис. ... канд. с.-х. наук: 06.02.07 / Бакоев Некруз Фарходович. – п. Персиановский, 2021. – 115 с.
7. Балакирев, Н.А. Состояние и перспектива развития овцеводства России / Н.А. Балакирев, Ф.Р. Фейзуллаев, В.Д. Гончаров, М.В. Селина // Аграрный вестник Верхневолжья. – 2019. – №. 1 (26). – С. 58.
8. Боваев, Д.Д. Рост и развитие помесных валушков (калмыцкая х дорпер) при введении в рацион кормовой добавки «Амилоцин» / Д.Д. Боваев, Ц.Б. Манджиев // Социально-экономические и экологические аспекты развития Прикаспийского региона. – 2019. – С. 190-194.

9. Болотаев, А.В. Технология производства молодой баранины в грубошерстном овцеводстве / А.В. Болотаев // Вестник научных трудов молодых учёных, аспирантов и магистрантов ФГБОУ ВО «Горский государственный аграрный университет». – 2019. – С. 43-45.

10. Варакин, А.Т. Эффективность использования кормовых добавок при откорме баранчиков в условиях естественного пастбища / А.Т. Варакин, Д.К., Кулик, В.В. Саломатин, А.К. Кулик // Аграрная наука и образование на современном этапе развития: опыт, проблемы и пути их решения: материалы Национальной научно-практической конференции. 20-21 июля 2019 г. Ульяновск: УлГАУ, 2019. – Том I. – УлГАУ, 2019. – С.136-139.

11. Василиади, Г.К. Перспективы двух-и трехпородного скрещивания в овцеводстве / Г.К. Василиади, Р.В. Осикина, Н.В. Ляшенко, А.В. Ярмоц // Известия Горского государственного аграрного университета. – 2014. – Т. 51. – №. 4. – С. 134-139.

12. Войтюк, М.М., Мачнева, О.П. Современное состояние овцеводства в России // Эффективное животноводство. – 2021. – №. 4 (170). – С. 102-105.

13. Вологирова, Д.А. Питательная ценность и диетическое достоинство баранины / М.М. Войтюк, О.П. Мачнева // Пищевая индустрия. – 2021. – №. 2 (46). – С. 42-43.

14. Гаглов, А.Ч. Формирование внутренних органов у молодняка овец разного генотипа / А.Ч. Гаглов, А.Н. Негреева, Ф.А. Мусаев, Т.Э. Щугорева // Вестник Мичуринского государственного аграрного университета. – 2020. – №. 4. – С. 141-147.

15. Гетманцева, Л.В. Способ оценки высокой мясной продуктивности овец сальской породы. Л.В. Гетманцева, Н.В. Широкова, Ю.А. Колосов, Н.Ф. Бакоев, Т.С. Романец. – 2018.

16. Глазко, Т.Т. ДНК-технологии для повышения мясной продуктивности / Т.Т. Глазко, А.Б. Комаров // Известия Тимирязевской сельскохозяйственной академии. – 2008. – №. 1. – С. 75-80.

17. Горлов, И.Ф. Генетическая структура стада по генам GDF9, GH у овец волгоградской и эдильбаевской пород / И Ф. Горлов, М.И. Сложенкина, Ю.А. Колосов, Н.В. Широкова // Аграрно-пищевые инновации. – 2021. – №. 2. – С. 51-59.
18. Горлов, И.Ф. Идентификация SNP-профилей и оценка породной ценности скота калмыцкой породы с использованием биочипов / И.Ф. Горлов, А.В. Ранделин, М.И. Сложенкина, А.К. Натыров, Б.К. Болаев, О.А. Княжеченко, Д.А. Мосолова // Зоотехния. – 2019. – №. 4. – С. 9-11.
19. Горлов, И.Ф. Кормовая добавка для молодняка овец / И Ф. Горлов, М.И. Сложенкина, Т.М. Гиро, А.В. Куликовский, А.А. Мосолов, Ю.В. Стародубова, В.В. Светлов // «Изобретения. Полезные модели». – 2020. – №. 22.
20. ГОСТ Р. 52843-2007 Овцы и козы для убоя. Баранина, ягнятина и козлятина в тушах. Технические условия. // М.: Стандартиформ. – 2008.
21. Дементьева, Н.В. Полиморфные ДНК-маркеры: классификация и возможности использования в селекции сельскохозяйственных животных / Н.В. Дементьева, О.К. Васильева // Известия Санкт-Петербургского государственного аграрного университета. – 2013. – №. 31. – С. 70-74.
22. Денискова, Т.Е. Поиск геномных вариантов, ассоциированных с живой массой у овец, на основе анализа высокоплотных SNP генотипов / Т.Е. Денискова, С.Н. Петров, А.А. Сермягин, А.В. Доцев, М.С. Форнара, В.А. Багиров, Н.А. Зиновьева // Сельскохозяйственная биология. – 2021. – Т. 56. – №. 2. – С. 279-291.
23. Джаджиева, А.Р. Совершенствование технологии откорма овец / А.Р. Джаджиева, Р.Д. Бестаева // Вестник. – 2018. – С. 361-363.
24. Дмитриева, Т.О. Современное состояние и тенденции развития мирового овцеводства / Т.О. Дмитриева // Colloquium-journal. – Голопристанський міськрайонний центр зайнятості= Голопристанский районный центр занятости, 2020. – №. 3-3. – С. 9-11.
25. Дмитрик, И.И. Контроль качественных показателей шерсти, мяса

и овчин морфогистологическими методами. Технологический регламент. Ставрополь. 2017. – 25 с.

26. Доменюк, В.П. Проблемы и перспективы использования молекулярно-генетических методов в гидробиологических исследованиях / В.П. Доменюк, А.Ю. Гончаров // Экология моря. – 2005. – Т. 68. – С. 48-52.

27. Егорова, К.А. Сравнительная эффективность применения откорма и нагула в овцеводстве / К.А. Егорова, К.В. Лысова, Т.О. Целикина // Современные способы повышения продуктивных качеств сельскохозяйственных животных, птиц и рыб: Материалы Национальной научно-практической конференции с международным участием, посвященной 90-летию зоотехнического факультета ФГБОУ ВО Саратовский ГАУ им. Н.И. Вавилова. – 2020. – С. 54.

28. Ерохин, А.И. Состояние, динамика и тенденции в развитии овцеводства в мире и в России / А.И. Ерохин, Е.А. Карасев, С.А. Ерохин // Овцы, козы, шерстяное дело. – 2019. – №. 3. – С. 3-6.

29. Жумадилла, К. Промышленное скрещивание в мясо-сальном овцеводстве с использованием баранов мясных тонкорунных и полутонкорунных пород / К. Жумадилла, К. Ирзагалиев, Н.К. Жумадиллаев // Международный научно-исследовательский журнал. – 2017. – №. 6-2 (60). – С. 137-141.

30. Завгородняя, Г.В. Объективные исследования продуктивных показателей молодняка овец джалгинский меринос при использовании заменителя овечьего молока / Г.В. Завгородняя, И.И. Дмитрик, М.И. Павлова, А.М. Андрушко, И.Г. Сердюков // Сельскохозяйственный журнал. – 2020. – №. 1 (13). – С. 35-41.

31. Засемчук, И.В. Рост и развитие молодняка овец при использовании кормовой добавки ДКБ (Донской кормовой баланс) / И.В. Засемчук, А.С. Чернышков // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. – 2019. – №. 3 (77). – С. 271-274.

32. Затеев, Д.В. Гематологические показатели крови и естественная резистентность баранчиков кавказской породы разных климатических зон / Д.В. Затеев // Овцы, козы, шерстяное дело. – 2017. – №. 2. – С. 43-45.

33. Зиновьева, Н.А. Генетические ресурсы животных: развитие исследований аллелофонда российских пород крупного рогатого скота-миниобзор / Н.А. Зиновьева, А.А. Сермягин, А.В. Доцев, О.И. Боронецкая, Л.В. Петрикеева, А.С. Абдельманова // Сельскохозяйственная биология. – 2019. – Т. 54. – №. 4. – С. 631-641.

34. Зиновьева, Н.А. Геномная селекция - новая стратегия генетического совершенствования свиней / Н.А. Зиновьева, А.А. Сермягин, О.В. Костюнина // Животноводство России. – 2018. – Т. 7. – С. 53-55.

35. Зиновьева, Н.А. Микросателлитные профили как критерии определения чистопородности и оценки степени гетерогенности подборов родительских пар в свиноводстве / Н.А. Зиновьева, В.Р. Харзинова, Т.И. Логвинова, Е.А. Гладырь, Е.И. Сизарева, Ю.И. Чинаров // Сельскохозяйственная биология. – 2011. – №. 6. – 47-53.

36. Зуева, Т.Л. Показатели экономической эффективности производства продукции овцеводства / Т.Л. Зуева // Закономерности развития региональных агропродовольственных систем. – 2015. – Т. 1. – №. 1. – С. 76-78.

37. Карпова, Е.Д. Полиморфизм гена *CAST* и ассоциация его генотипов с показателями мясной продуктивности овец / Е.Д. Карпова, Е.С. Суржикова, З.К. Гаджиев, И.И. Дмитрик, Г.В. Загородняя // Аграрный научный журнал. – 2022. – №. 1. – С. 60-63.

38. Киселева, Т.Ю. Анализ 30 микросателлитных маркеров у шести локальных популяций крупного рогатого скота / Т.Ю. Киселева, Б.Е. Подоба, Е.Е. Заблудовский, В.П.ерлецкий, Н.И. Воробьев, Ю. Кантанен // Сельскохозяйственная биология. – 2010. – Т. 45. – №. 6. – С. 20-25.

39. Колосов, Ю.А. Оценка воспроизводительных качеств овцематок при скрещивании / Ю.А. Колосов, Н.В. Широкова // Ветеринарная патология. – 2010. – №. 4. – С. 103-105.
40. Колосов, Ю.А. Эффективность скрещивания при производстве баранины / Ю.А. Колосов, И.С. Губанов, В.В. Абонеев // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. – 2018. – №. 4 (72). – С. 310-312.
41. Колотова, Н.А. Прогноз потребления баранины в условиях современного развития АПК России / Н.А. Колотова // Территория инноваций. – 2018. – №. 9. – С. 24-32.
42. Комлацкий, В.И. Необходимость мясного овцеводства на Юге России / В.И. Комлацкий, Л.Ф. Величко, Т.А. Хорошайло // Современное развитие животноводства в условиях становления цифрового сельского хозяйства (к 80-летию со дня рождения доктора с.-х. наук, профессора Приступы Василия Николаевича). – 2020. – С. 75-78.
43. Копылов, И.А. Совершенствование породы советский меринос на основе генофонда австралийской селекции и иммуногенетических маркеров: дисс. ... канд. биол. наук: 06.02.07 / Копылов Иван Александрович. – Ставрополь, 2020. – 143 с.
44. Косилов, В.И. Влияние кормовых добавок на обмен азота в организме овец / В.И. Косилов, С.Р. Зиянгирова, И.В. Миронова, З.А. Галиева, И.Р. Газеев // Овцы, козы, шерстяное дело. – 2019. – №. 2. – С. 45-46.
45. Костылев, М.Н. Генетические маркеры мясной продуктивности романовской породы овец: IGFBP-3, GHo и CAST / М.Н. Костылев, М.В. Абрамова, А.В. Ильина, М.С. Барышева, Ю.И. Малина, Е.Г. Евдокимов, А.М. Абдулмуслимов // Аграрная наука. – 2021. – №. 11-12. – С. 36-40.
46. Криворучко, А.Ю. Полногеномный поиск ассоциаций (GWAS) с продуктивностью у овец романовской породы / А.Ю. Криворучко, О.А. Яцык, Т.Ю. Саприкина, Д.Д. Петухова // Известия Национальной академии наук Беларуси. Серия аграрных наук. – 2021. – Т. 59. – №. 1. – С. 71-80.

47. Кузнецов, В.М. Сравнение методов оценки генетической дифференциации популяций по микросателлитным маркерам / В.М. Кузнецов // Аграрная наука Евро-Северо-Востока. – 2020. – Т. 21. – №. 2.

48. Кузьмин, В.Н. Овцеводство: состояние и перспективы развития / В.Н. Кузьмин, Т.Е. Маринченко, А.П. Королькова // Техника и оборудование для села. – 2019. – №. 12. – С. 2-8.

49. Лушников, В.П. Полиморфизм генов соматотропина (GH), кальпастина (CAST), дифференциального фактора роста (GDF 9) у овец татарстанской породы / В.П. Лушников, Т.О. Фетисова, М.И. Селионова, Л.Н. Чижова, Е.С. Суржикова // Овцы, козы, шерстяное дело. – 2020. – №. 1. – С. 2-3.

50. Лушников, В.П. Эффективность нагула и откорма баранчиков / В.П. Лушников // Фермер. Поволжье. – 2018. – №. 8. – С. 80-81.

51. Максимов, А.Ф. Производство и потребление баранины в России: тенденции и перспективы / А.Ф. Максимов // Экономика, труд, управление в сельском хозяйстве. – 2020. – №. 4. – С. 103-109.

52. Маринченко, Т.Е. Господдержка овцеводства и козоводства: зарубежный и отечественный опыт / Т.Е. Маринченко, А.П. Королькова // Роль аграрной науки в устойчивом развитии сельских территорий. – 2019. – С. 469-474.

53. Минакова, Н. Геномные технологии для животноводства / Н. Минакова // Наука и инновации. – 2021. – №. 8. – С. 4-8.

54. Молчанов, А.В. Эффективность скрещивания маток куйбышевской породы с эдильбаевскими баранами / А.В. Молчанов, В.В. Светлов, А.Н. Козин // Овцы, козы, шерстяное дело. – 2017. – №. 2. – С. 7-9.

55. Муратова, В.В. Гематологические показатели и естественная резистентность молодняка овец эдильбаевской породы различной живой массы / В.В. Муратова // Аграрный научный журнал. – 2019. – №. 10. – С. 83-86.

56. Мусаева, П.О. Резервы повышения экономической эффективности производства продукции овцеводства / П.О. Мусаева // Региональные проблемы преобразования экономики. – 2010. – №. 1. – С. 15.

57. Озеров, М.Ю. Использование микросателлитных локусов для определения достоверности происхождения потомства овец / М.Ю. Озеров, Н.С. Марзанов, М. Тапио, Л.К. Марзанова, С.Н. Петров, Ю. Кантанен // Доклады Российской академии сельскохозяйственных наук. – Некоммерческая организация Редакция журнала «Доклады Российской академии сельскохозяйственных наук», 2007. – №. 2. – С. 32-36.

58. Ольховская, Л.В. Биохимический полиморфизм в селекции коз / Л.В. Ольховская, В.В. Абонеев // Ставрополь: РАСХН ГНУ СНИИЖК, 2007. – 189 с.

59. Омаров, А.А. Динамика роста и развития молодняка северокавказской мясо-шерстной породы и помесей разных генотипов / А.А.Омаров // Сельскохозяйственный журнал. – 2012. – Т. 1. – №. 5. – С. 27-29.

60. Омаров, А.А. Мясная продуктивность, химический состав мышечной ткани молодняка создаваемого типа скороспелых овец в возрастном аспекте / А.А. Омаров, Л.Н. Скорых, Д.В. Коваленко // Сельскохозяйственный журнал. – 2016. – Т. 2. – №. 9. – С. 19-25.

61. Орлова, О.Н. Современное состояние овцеводства и способы повышения мясной продуктивности овец на примере Южного федерального округа / О.Н. Орлова, Л.С. Дмитриева, В.И. Ерошенко // Все о мясе. – 2021. – №. 4. – С. 66-72.

62. Пашкова, Л.А. Технологические приемы увеличения мясной продуктивности овец при поздних сроках ягнения / Л.А. Пашкова // Аграрный вестник Урала. – 2021. – №. 6 (209). – С. 61-70.

63. Плахтюкова, В.Р. Полиморфизм генов кальпаина и соматотропина у крупного рогатого скота казахской белоголовой породы и его связь с показателями продуктивности: автореф. дисс. ... канд. биол. наук:

06.02.07 / Плахтюкова Виктория Романовна. – Ставрополь, 2020. – 22 с.

64. Полозюк, О.Н. Гематология: учебное пособие / О.Н. Полозюк, Т.М. Ушакова // Персиановский: Донской ГАУ. – 2019.

65. Самусенко, Л.Д. Стратегические направления в развитии продукции овцеводства / Л.Д. Самусенко // Вестник сельского развития и социальной политики. – 2021. – №. 1 (29). – С. 6-8.

66. Сафарян, Е.Ю. Взаимосвязь полиморфизма генов MYOD1 И MSTN с мясной продуктивностью у овец породы манычский меринос / Е.Ю. Сафарян, О.А. Яцык // Современные достижения и проблемы генетики и биотехнологии в животноводстве: Материалы междунар. науч. конф., посвященной 90-летию академика Л.К. Эрнста. – 2019. – С. 173.

67. Селионова, М.И. и др. Генетические маркеры в козоводстве (Обзор) / М. Селионова, В. Трухачев, А.-М. Айбазов, Ю. Столповский, Н. Зиновьева // Сельскохозяйственная биология. – 2021. – Т. 56. – № 6. – С. 1031–1048.

68. Селионова, М.И. Исследование полиморфизма генов гормона роста, лептина у овец породы советский меринос / М.И. Селионова, Д.А. Ковалев, Л.Н. Скорых, Н.С. Сафонова, Н.И. Ефимова // Вестник АПК Ставрополья. – 2019. – №. 3. – С. 25-29.

69. Селионова, М.И. Современное состояние овцеводства России и его научное обеспечение / М.И. Селионова, В.А. Багиров, // Сельскохозяйственный журнал. – 2014. – Т. 3. – №. 7. – С. 11-20.

70. Сердюк, Г.Н. ДНК-маркеры в селекции овец / Г.Н. Сердюк, А.О. Притужалова // Овцы, козы, шерстяное дело. – 2019. – №. 2. – С. 10-11.

71. Скокова, А.В. Физиолого-биохимические параметры при селекции овец на скороспелость: дис. ... канд. биол. наук: 06.02.07 / Скокова Антонина Владимировна. – Ставрополь, 2013. – 111 с.

72. Скорых Л.Н. Ассоциация полиморфизма гена GH с показателями качества мяса у мясошерстных овец / Л.Н. Скорых, И.О. Фомина, А.В. Скокова, И.И. Дмитрик // Главный зоотехник. – 2022. – № 8. – С. 31–38.

73. Скорых, Л.Н. Ассоциация однонуклеотидных полиморфизмов в гене соматотропина с показателями мясной продуктивности у мясо-шерстных овец / Л.Н. Скорых, И.О. Фомина, Д.В. Коваленко, С.С. Бобрышов // Ветеринария и кормление. – 2021. – №. 2. – С. 45-48.

74. Скорых, Л.Н. Методы и приемы рационального использования генетического потенциала баранов-производителей отечественной и импортной селекции в товарном овцеводстве: дисс. ... докт. биол. наук: 06.02.07 / Скорых Лариса Николаевна. – Ставрополь, 2013. – 326 с.

75. Скорых, Л.Н. Полиморфизм гена соматотропина и его взаимосвязь с показателями роста у мясо-шерстных овец / Л.Н. Скорых, И.О. Фомина, Д.В. Коваленко // Зоотехния. – 2020. – №. 10. – С. 6-8.

76. Скорых, Л.Н. Полиморфизм генов гормона роста (GH) и кальпастина (CAST) у мясошерстных овец / Л.Н. Скорых, **И.О. Фомина**, Е.С. Суржикова, Д.В. Коваленко // Главный зоотехник. – 2020. – №. 7. – С. 6-11.

77. Снегин, Э.А. Определение чистопородности и происхождения крупного рогатого скота молочных пород с помощью микросателлитных маркеров / Э.А. Снегин, Е.А. Снегина, А.С. Бархатов, В.В. Адамова // Селекция на современных популяциях отечественного молочного скота как основа импортозамещения животноводческой продукции. – 2018. – С. 157-160.

78. Столповский, Ю.А. Популяционно-генетические основы сохранения генофондов domestцированных видов животных / Ю.А. Столповский // Вавиловский журнал генетики и селекции. – 2015. – Т. 17. – №. 4/2. – С. 900-915.

79. Суров, А.И. Интенсивное овцеводство / А.И. Суров, А.А. Пикалов // Сельскохозяйственный журнал. – 2012. – Т. 3. – №. 1-1. – С. 184-186.

80. Траспов, А.А. Полногеномные ассоциативные исследования распространения пороков развития и других селекционно значимых

качественных признаков у потомства хряков крупной белой породы российской селекции / А.А. Траспов, О.В. Костюнина, А.А. Белоус, Т.В. Карпушкина, Н.А. Свеженцева, Н.А. Зиновьева // Вавиловский журнал генетики и селекции. – 2020. – Т. 24. – №. 2. – С. 185.

81. Улимбашев, М.Б. Рациональное использование генофонда ценных пород животных с целью сохранения биологического разнообразия / М.Б. Улимбашев, В.В. Кулинцев, М.И. Селионова, Р.А. Улимбашева, Б.Т. Абилов, Ж.Т. Алагирова // Юг России: экология, развитие. – 2018. – №. 2. – С. 165-183.

82. Фоминова, И.О. Ассоциация полиморфизма гена CAST с показателями мясной продуктивности мясо-шерстных овец / И.О. Фоминова, Л.Н. Скорых // Перспективные разработки молодых ученых в области производства и переработки сельскохозяйственной продукции: национальная научно-практическая конференция – Ставрополь: Ставропольский ГАУ, 2021. – С. 11-16.

83. Фоминова, И.О. Биотехнологические методы исследования полиморфизма генов соматотропина и кальпастина / И.О. Фоминова, Л.Н. Скорых, Д.В. Коваленко // Сельскохозяйственный журнал. – 2020. – №. 5. – С. 83-88.

84. Фоминова, И.О. Исследование полиморфизма гена кальпастина у мясошерстных овец / И.О. Фоминова // Вестник Ошского государственного университета. – 2021. – Т. 1. – №. 2. – С. 476-482

85. Фримель, Г. Иммунологические методы / Г. Фримель ; пер. с нем. А. П. Тарасова. – М.: Медицина. – 1987. – 472 с.

86. Харзинова, В.Р. Эволюция методов оценки биоразнообразия северного оленя (*Rangifer tarandus*)(обзор) / В.Р. Харзинова, Т.Е. Денискова, А.А. Сермягин, А.В. Доцев, А.Д.Соловьева, Н.А. Зиновьева // Сельскохозяйственная биология. – 2017. – Т. 52. – №. 6. – С. 1083-1093.

87. Хлесткина, Е.К. Молекулярные маркеры в генетических исследованиях и в селекции / Е.К. Хлесткина // Вавиловский журнал генетики и селекции. – 2015. – Т. 17. – №. 4/2. – С. 1044-1054.

88. Цынгугева, В.В. Показатели экономической эффективности производства продукции овцеводства / В.В. Цынгугева // Комплексное развитие сельских территорий и инновационные технологии в агропромышленном комплексе. – 2019. – С. 336-342.

89. Чамурлиев, Н.Г. Нагул и откорм молодняка овец волгоградской породы при разном уровне протеина / Н.Г. Чамурлиев, О.В. Чапуркина, А.С. Филатов // Известия Нижневолжского агроуниверситетского комплекса: наука и высшее профессиональное образование. – 2013. – №. 1 (29). – С. 127-131.

90. Чижова, Л.Н. Руководство по определению резистентности у овец / Л.Н. Чижова, А.К. Михайленко, Л.В. Ольховская, С.Ф. Силкина, Н.Г. Марутянц, Е.Н. Барнаш, А.В. Скокова, Г.Н. Шарко, С.В. Криворучко, В.Ю. Ромахова // Методические рекомендации для научных сотрудников, зооветспециалистов, работников племобъединений, аспирантов, студентов биологических факультетов ВУЗов. – Ставрополь: СНИИЖК, 2013. – 25 с.

91. Чурюмов, Д.В. Анализ и перспективы развития овцеводства и козоводства на юге России / Д.В. Чурюмов, А.В. Малсугенов // Биоразнообразие, биоресурсы, вопросы биотехнологии и здоровье населения Северо-Кавказского региона. – 2019. – С. 197-201.

92. Широкова, Н.В. Хозяйственно-биологические особенности и рациональное использование овец разного генетического потенциала при производстве и переработке баранины в условиях Юга России: автор. дисс. ... докт. биол. наук: 06.02.10 / Широкова Надежда Васильевна. – Волгоград, 2020. – 42 с.

93. Юлдашбаев, Ю.А. Промышленное скрещивание в тонкорунном овцеводстве Калмыкии / Ю.А. Юлдашбаев, Е.В. Пахомова, А.А. Салаев, Ф.Р.

Фейзуллаев // Ветеринария, зоотехния и биотехнология. – 2017. – №. 5. – С. 63-67.

94. ЯЦЫК, О.А. Полиморфизм гена миостатина: автор. дисс. ... канд. биол. наук: 06.02.07 / ЯЦЫК Олеся Андреевна. – Ставрополь, 2019. – 23 с.

95. Aali, M. Association of the calpastatin genotypes, haplotypes, and SNPs with meat quality and fatty acid composition in two Iranian fat-and thin-tailed sheep breeds / M. Aali, H. Moradi-Shahrbabak, M. Moradi-Shahrbabak, M. Sadeghi, A.R. Yousefi // Small Ruminant Research. – 2017. – V. 149. – P. 40-51.

96. Abdelmoneim, T.S. Sequencing of growth hormone gene for detection of polymorphisms and their relationship with body weight in Harri sheep / T.S. Abdelmoneim, P.H. Brooks, M. Afifi, A.A.A. Swelum // Indian Journal of Animal Research. – 2017. – V. 51. – №. 2. – P. 205-211.

97. Abdel-Rahman, S.M. Detection of adulteration and identification of cat's, dog's, donkey's and horse's meat using species-specific PCR and PCR-RFLP techniques / S. M.Abel-Rahman, M. A.El-Saadani, K.M. Ashry, A.S. Haggag // Australian Journal of Basic and Applied Sciences. – 2009. – V. 3. – №. 3. – P. 1716-1719.

98. Abousoliman, I. Genome-Wide Analysis for Early Growth-Related Traits of the Locally Adapted Egyptian Barki Sheep / I. Abousoliman, H. Reyer, M. Oster, E. Murani, I. Mohamed, K. Wimmers // Genes. – 2021. – V. 12. – №. 8. – P. 1243.

99. Afanasyeva, A. Phenotypic effects of polymorphism of the calpastatin gene (CAST), associated with growth and development indicators, in West Siberian mutton breed / A. Afanasyeva, V. Sarychev, G. Goncharenko // International Scientific and Practical Conference «Digital agriculture-development strategy» (ISPC 2019). – Atlantis Press, 2019. – pp. 116-120.

100. Agarwal, M. Advances in molecular marker techniques and their applications in plant sciences / M. Agarwal, N. Shrivastava, H. Padh // Plant cell reports. – 2008. – V. 27. – №. 4. – pp. 617-631.

101. Akhatayeva, Z. Detecting novel Indel variants within the GHR gene

and their associations with growth traits in Luxi Blackhead sheep/ Z.Li. Akhatayeva, H.C. Mao, H. Cheng, G. Zhang, F. Jiang, D. Zhang // *Animal Biotechnology*. – 2020. – pp. 1-9.

102. Al-Hadithy, H.A.H. Estimation of Serum Liver Enzymes Activities in Awassi Sheep / H.A.H. Al-Hadithy, N.M. Badawi1, M.M. Mahmood // *The Iraqi Journal of Veterinary Medicine*. – 2013. – V. 37. – №. 1. – pp. 115-120.

103. Ali, B.A. Relationship between genetic similarity and some productive traits in local chicken strains / B.A. Ali, M.M.M. Ahmed, O.M. Aly // *African Journal of Biotechnology*. – 2003. – V. 2. – №. 2. – pp. 46-47.

104. Amaral Crispim, B. Molecular markers for genetic diversity and phylogeny research of Brazilian sheep breeds // B. do Amaral Crispim, M.C. Matos, L. de Oliveira Seno, A.B. Grisolia // *African Journal of Biotechnology*. – 2012. – V. 11. – №. 90. – pp. 15617-15625.

105. Armstrong, E. Novel genetic polymorphisms associated with carcass traits in grazing Texel sheep / E. Armstrong, G. Ciappesoni, W. Iriarte, C. Da Silva, F. Macedo, E.A. Navajas, A. Postiglioni // *Meat science*. – 2018. – V. 145. – pp. 202-208.

106. Ashour, G. Evaluation of growth performance, blood metabolites and gene expression analysis in Egyptian sheep breeds, in relation to age / G. Ashour, A. Gad, A.K. Fayed, N.A. Ashmawy, A. El-Sayed // *World Veterinary Journal*. – 2020. – V. 10. – pp. 18-29.

107. Barros Lopes, M. Evidence for multiple interspecific hybridization in *Saccharomyces sensu stricto* species / M. de Barros Lopes, J.R. Bellon, N.J. Shirley, P.F. Ganter // *FEMS yeast research*. – 2002. – V. 1. – №. 4. – pp. 323-331.

108. Bayraktar, M. Estimation of the associations between GH and DGAT1 genes and growth traits by using decision tree in Awassi sheep / M. Bayraktar, O. Shoshin // *Animal Biotechnology*. – 2022. – V. 33. – №. 1. – pp. 167-173.

109. Belhaj, K. Physicochemical and nutritional characteristics of Béni Guil lamb meat raised in eastern Morocco / K. Belhaj, F. Mansouri, A. Ben Moumen, M.L. Fauconnier, M. Boukharta, H.S. Caid, A. Elamrani //

Mediterranean Journal of Nutrition and Metabolism. – 2018. – V. 11. – №. 2. – pp. 175-185.

110. Belhaj, K. Proximate composition, amino acid profile, and mineral content of four sheep meats reared extensively in Morocco: A comparative study / K. Belhaj, F. Mansouri, M. Sindic, M.L. Fauconnier, M. Boukharta, H. Serghini Caid, A.E. lamrani // *The Scientific World Journal*. – 2021. – V. 2021.

111. Bharathesree, R. Polymorphism of Keratin-Associated Protein (KAP) 6.1 gene and its association with wool traits of Sandyno and Nilagiri breeds of sheep / R. Bharathesree, N. Murali, R. Saravanan, R. Anilkumar // *Indian Journal of Animal Research*. – 2019. – V. 53. – №. 12. – pp. 1566-1571.

112. Bolormaa, S. Detailed phenotyping identifies genes with pleiotropic effects on body composition / S. Bolormaa, B.J. Hayes, J.H. van der Werf, D. Pethick, M.E. Goddard, H.D. Daetwyler // *BMC genomics*. – 2016. – V. 17. – №. 1. – pp. 1-21.

113. Botstein, D. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms / D. Botstein, R.L. White, M. Skolnick, R.W. Davis // *American journal of human genetics*. – 1980. – V. 32. – №. 3. – P. 314.

114. Bozhilova-Sakova, M. Genetic diversity of calpastatin gene and its association with some biochemical parameters in sheep / M. Bozhilova-Sakova, I. Dimitrova // *Journal of BioScience and Biotechnology*. – 2021. – V. 10. – №. 2. – pp. 99-102.

115. Bozhilova-Sakova, M. Genotype frequencies in calpastatin (CAST) and callipyge (CLPG) genes in Northeast Bulgarian Merino sheep breed using PCR-RFLP method / M. Bozhilova-Sakova, I. Dimitrova, T. Tzonev, N. Petrov // *Bulgarian Journal of Agricultural Science*. – 2020. – V. 26. – №. 2. – P. 475-479.

116. Buschulte A. The sheep: A market under control? / A. Buschulte, M. Bachari, R. Fries // *Fleischwirtschaft*. – 2005. – T. 85. – №. 7. – C. 97-101.

117. Casas, E. Effects of calpastatin and μ -calpain markers in beef cattle on tenderness traits / E. Casas, S.N. White, T.L. Wheeler, S.D. Shackelford, M.

Koohmaraie, D.G. Riley, T.P.L. Smith // *Journal of Animal Science*. – 2006. – V. 84. – №. 3. – P. 520-525.

118. Chen, H.Y. Differential gene expression in ovaries of Qira black sheep and Hetian sheep using RNA-Seq technique / H.Y. Chen, H. Shen, B. Jia, Y. S. Zhang, X.H. Wang, X.C. Zeng // *PloS one*. – 2015. – V. 10. – №. 3. – P. e0120170.

119. Cherif, M. Effect of the addition of *Nigella sativa* seeds to low or high concentrate diets on intake, digestion, blood metabolites, growth and carcass traits of Barbarine lamb / M.Cherif, H.B. Salem, S. Abidi // *Small Ruminant Research*. – 2018. – V. 158. – P. 1-8.

120. Chernobai, E.N. Meat Productivity and Exterior Features of Russian Meat Merino Sheep of Linear Origin / E.N. Chernobai, O.N. Onischenko, V.I. Konoplev, L. P.Semkiv // *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*. – IOP Publishing, 2021. – V. 852. – №. 1. – P. 012014.

121. Chesnokov, Y.V. Genetic Markers: Comparative Classification of Molecular Markers / Y.V. Chesnokov // *Vegetable crops of Russia*. – 2018. – V. 3(3). – pp. 11–15.

122. Chu, M.X. Mutations in *BMPR-IB* and *BMP-15* genes are associated with litter size in Small Tailed Han sheep (*Ovis aries*) / M.X. Chu, Z.H. Liu, C.L. Jiao, Y.Q. He, L.Fang, S.C. Ye, J.Y. Wang // *Journal of Animal Science*. – 2007. – V. 85. – №. 3. – pp. 598-603.

123. Chung, H. Effects of genetic variants and mapping assignments of the ovine calpain regulatory subunit gene on chromosome 14 / H. Chung, M. Davis // *Genes & genomics*. – 2014. – V. 36. – №. 4. – pp. 465-473.

124. Dadi, H. Evaluation of single nucleotide polymorphisms (SNPs) genotyped by the Illumina Bovine SNP50K in cattle focusing on Hanwoo breed / H. Dadi, J.J. Kim, D. Yoon, K.S. Kim // *Asian-Australasian journal of animal sciences*. – 2012. – V. 25. – №. 1. – P. 28.

125. Demars, J. Genome-wide association studies identify two novel *BMP15* mutations responsible for an atypical hyperprolificacy phenotype in sheep / J. Demars, S. Fabre, J. Sarry, R. Rossetti, H. Gilbert, L. Persani, L. Bodin // *PLoS*

Genetics. – 2013. – V. 9. – №. 4. – P. e1003482.

126. Dettori, M.L. Association between the GHR, GHRHR, and IGF1 gene polymorphisms and milk yield and quality traits in Sarda sheep / M.L. Dettori, M. Pazzola, P. Paschino, M. Amills, G M. Vacca // Journal of dairy science. – 2018. – V. 101. – №. 11. – pp. 9978-9986.

127. Deykin, A.V. Genetic markers in sheep meat breeding / A.V. Deykin, M.I. Selionova, A.Yu. Krivoruchko, D.V. Kovalenko, V.I. Truhachev // Vavilov Journal of Genetics and Breeding. – 2016. – V. 20. – №. 5. – pp. 576-583.

128. EEr, H. Genetic polymorphism association analysis of SNPs on the species conservation genes of Tan sheep and Hu sheep / H. EEr, L. Ma, X. Xie, J. Ma, X. Ma, C. Yue, Y. Li // Tropical animal health and production. – 2020. – V. 52. – №. 3. – pp. 915-926.

129. Egito, A.A. Genetic variability of Pantaneiro horse using RAPD-PCR markers / A.A.D. Egito, B.H. Fuck, C. McManus, S.R. Paiva, M.D.S.M. Albuquerque, S.A. Santos, A.D.S. Mariante // Revista Brasileira de Zootecnia. – 2007. – V. 36. – pp. 799-806.

130. El Fiky, Z.A. Genetic polymorphism of growth differentiation factor 9 (GDF9) gene related to fecundity in two Egyptian sheep breeds / Z.A. El Fiky, G.M. Hassan, M.I. Nassar // Journal of Assisted Reproduction and Genetics. – 2017. – V. 34. – №. 12. – pp. 1683-1690.

131. Elmaci, C. RAPD analysis of DNA polymorphism in Turkish sheep breeds / C. Elmaci, Y. Oner, S. Ozis, E. Tuncel // Biochemical genetics. – 2007. – V. 45. – №. 9. – pp. 691-696.

132. Esteves, C. The polymorphisms of genes associated with the profile of fatty acids of sheep / C. Esteves, K.G. Livramento, L.V. Paiva, A.P. Peconick, I.F.F. Garcia, C.A.P. Garbossa, P.B. Faria // Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia. – 2019. – V. 71. – pp. 303-313.

133. Farhadian, M. Molecular characterization and phylogeny based analysis of intron i sequence of myostatin (MSTN) gene in Iranian Makuei sheep breed / M. Farhadian, A. Hashemi // Annals of Animal Science. – 2016. – V. 16. –

№. 4. – P. 1007.

134. Fleming, A. Invited review: Reproductive and genomic technologies to optimize breeding strategies for genetic progress in dairy cattle / A. Fleming, E.A. Abdalla, C. Maltecca, C.F. Baes // *Archives Animal Breeding*. – 2018. – V. 61. – №. 1. – pp. 43-57.

135. Fontanesi, L. Analysis of polymorphisms in the agouti signalling protein (ASIP) and melanocortin 1 receptor (MC1R) genes and association with coat colours in two Pramenka sheep types / L. Fontanesi, A. Rustempašić, M. Brka, V. Russo // *Small ruminant research*. – 2012. – V. 105. – №. 1-3. – pp. 89-96.

136. Fontanesi, L. Coat colours in the Massese sheep breed are associated with mutations in the agouti signalling protein (ASIP) and melanocortin 1 receptor (MC1R) genes / L. Fontanesi, S. Dall'Olio, F. Beretti, B. Portolano, V. Russo // *Animal*. – 2011. – V. 5. – №. 1. – pp. 8-17.

137. Fowler, S.M. Nutritional composition of lamb retail cuts from the carcasses of extensively finished lambs / S.M. Fowler, S. Morris, D.L. Hopkins // *Meat science*. – 2019. – V. 154. – pp. 126-132.

138. Gagloev, A.C. Influence of Intrabreed Type of Ewes on Meat Productivity of the Progen in Case of Pure Breeding and Crossbreeding / A.G. Gagloev, A.N. Negreeva, V.A. Babushkin // *J. Pharm.Sci. Res.* – Vol. 9(12). – 2017. – pp. 2504-2509.

139. Gagloev, A.G. Increasing meat productivity and improving quality of lamb meat from fine-wool sheep / A.G. Gagloev, A.N. Negreeva, V.A. Babushkin // *Journal of Pharmaceutical Sciences and Research*. – 2017. – V. 9. – №. 12. – pp. 2510-2515.

140. Galloway, S.M. Mutations in an oocyte-derived growth factor gene (BMP15) cause increased ovulation rate and infertility in a dosage-sensitive manner / S.M. Galloway, K.P. McNatty, L.M. Cambridge, M.P. Laitinen, J.L. Juengel, T.S. Jokiranta, O. Ritvos // *Nature genetics*. – 2000. – V. 25. – №. 3. – pp. 279-283.

141. Gebreselassie, G. Genomic mapping identifies two genetic variants in the MC1R gene for coat colour variation in Chinese Tan sheep / G. Gebreselassie, B. Liang, H. Berihulay, R. Islam, A. Abied, L. Jiang, Y. Ma // *PloS one*. – 2020. – V. 15. – №. 8. – P. e0235426.

142. Gebreselassie, G. Review on genomic regions and candidate genes associated with economically important production and reproduction traits in sheep (*Ovis aries*) / G. Gebreselassie, H. Berihulay, L. Jiang, Y. Ma // *Animals*. – 2019. – V. 10. – №. 1. – P. 33.

143. Gill, J.L. Association of selected SNP with carcass and taste panel assessed meat quality traits in a commercial population of Aberdeen Angus-sired beef cattle / J.L. Gill, S.C. Bishop, C. McCorquodale, J.L. Williams, P. Wiener // *Genetics Selection Evolution*. – 2009. – V. 41. – №. 1. – pp. 1-12.

144. Glenn, A. Physiology of red and white blood cells / A. Glenn, C.E. Armstrong // *Anaesthesia & Intensive Care Medicine*. – 2019. – V. 20. – №. 3. – pp. 170-174.

145. Gorlov, I.F. CAST/MspI gene polymorphism and its impact on growth traits of Soviet Merino and Salsk sheep breeds in the South European part of Russia / I.F. Gorlov, N.V. Shirokova, A.V. Randelin, V.N. Voronkova, N.I. Mosolova, E.Y. Zlobina, L.V. Getmantseva // *Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences*. – 2016. – V. 40. – №. 4. – pp. 399-405.

146. Gorlov, I.F. MC4R gene polymorphism and its association with meat traits of Karachai sheep grown in Russian Federation / I.F. Gorlov, N.V. Shirokova, E.Y. Anisimova, M.I. Slozhenkina, Y.A. Kolosov, A.K. Natyrov, E.V. Karpenko // *Journal of Applied Animal Research*. – 2021. – V. 49. – №. 1. – pp. 68-74.

147. Gorlov, I.F. The meat products supply of population in Russia / I.F. Gorlov, G.V. Fedotova, M.I. Slozhenkina, N.I. Mosolova // *Growth Poles of the global economy: Emergence, changes and future perspectives*. – Springer, Cham, 2020. – pp. 311-318.

148. Greguła-Kania, M. Association of CAST gene polymorphism with carcass value and meat quality in two synthetic lines of sheep / M. Greguła-Kania, T.M. Gruszecki, A. Junkuszew, E. Juszczuk-Kubiak, M. Florek // *Meat science*. – 2019. – V. 154. – pp. 69-74.

149. Grisart, B. Positional candidate cloning of a QTL in dairy cattle: identification of a missense mutation in the bovine DGAT1 gene with major effect on milk yield and composition / B. Grisart, W. Coppieters, F. Farnir, L. Karim, C. Ford, P. Berzi, R. Snell // *Genome research*. – 2002. – V. 12. – №. 2. – pp. 222-231.

150. Grochowska, E. Effect of the calpain small subunit 1 gene (CAPNS1) polymorphism on meat quality traits in sheep / E. Grochowska, B. Borys, E. Grześkowiak, S. Mroczkowski // *Small Ruminant Research*. – 2017. – V. 150. – pp. 15-21.

151. Grochowska, E. Effect of the IGF-I gene polymorphism on growth, body size, carcass and meat quality traits in Coloured Polish Merino sheep / E. Grochowska, B. Borys, P. Janiszewski, J. Knapik, S. Mroczkowski // *Archives Animal Breeding*. – 2017. – V. 60. – №. 2. – pp. 161-173.

152. Grochowska, E. Genotypic and allelic effects of the myostatin gene (MSTN) on carcass, meat quality, and biometric traits in Colored Polish Merino sheep / E. Grochowska, B. Borys, D. Lisiak, S. Mroczkowski // *Meat science*. – 2019. – V. 151. – pp. 4-17.

153. Gutiérrez-Gil, B. High-resolution analysis of selection sweeps identified between fine-wool Merino and coarse-wool Churra sheep breeds / B. Gutiérrez-Gil, C. Esteban-Blanco, P. Wiener, P.K. Chitneedi, A. Suarez-Vega, J.J. Arranz // *Genetics Selection Evolution*. – 2017. – V. 49. – №. 1. – pp. 1-24.

154. Hajihosseini, A. Association between polymorphism in exon 3 of leptin gene and growth traits in the Makoei sheep of Iran / A. Hajihosseini, A. Hashemi, S. Sadeghi // *Livestock Research for Rural Development*. – 2012. – V. 24. – №. 9. – C. 543-546.

155. Hajihosseini, A. The relationship of GH and LEP gene

polymorphisms with fat-tail measurements (fat-tail dimensions) in fat-tailed Makoei breed of Iranian sheep / A. Hajihosseini, S. Jafari, M. Ajdary // *Advanced Biomedical Research*. – 2015. – V. 4.

156. Hanrahan, J.P. Mutations in the genes for oocyte-derived growth factors GDF9 and BMP15 are associated with both increased ovulation rate and sterility in Cambridge and Belclare sheep (*Ovis aries*) / J.P. Hanrahan, S.M. Gregan, P. Mulsant, M. Mullen, G.H. Davis, R. Powell, S.M. Galloway // *Biology of reproduction*. – 2004. – V. 70. – №. 4. – pp. 900-909.

157. Hayes, B.J. A genome map of divergent artificial selection between *Bos taurus* dairy cattle and *Bos taurus* beef cattle / B.J. Hayes, A.J. Chamberlain, S. Maceachern, K. Savin, H. McPartlan, I. MacLeod, M.E. Goddard // *Animal genetics*. – 2009. – V. 40. – №. 2. – pp. 176-184.

158. He, S. Genetic Monitoring of Genomic DNA from Superfine Wool Sheep by AFLP / S.G. He, X.X. Huang, H.C. Shi, K.C. Tian, X.M. Xu, Q.H. Lao // *China Animal Husbandry & Veterinary Medicine*. – 2008. – P. 07.

159. He, X. Mapping the four-horned locus and testing the polled locus in three Chinese sheep breeds / X. He, Z. Zhou, Y. Pu, X. Chen, Y. Ma, L. Jiang // *Animal Genetics*. – 2016. – V. 47. – №. 5. – pp. 623-627.

160. Ibeagha-Awemu, E.M. Critical analysis of production-associated DNA polymorphisms in the genes of cattle, goat, sheep, and pig / E.M. Ibeagha-Awemu, P. Kgwatalala, X.A. Zhao // *Mammalian Genome*. – 2008. – V. 19. – №. 9. – pp. 591-617.

161. Ibeagha-Awemu, E.M. Leveraging available resources and stakeholder involvement for improved productivity of African livestock in the era of genomic breeding / E.M. Ibeagha-Awemu, S.O. Peters, M.N. Bemji, M.A. Adeleke, D.N. Do // *Frontiers in genetics*. – 2019. – V. 10. – P. 357.

162. Ikonen, T. Associations between casein haplotypes and first lactation milk production traits in Finnish Ayrshire cows / T. Ikonen, H. Bovenhuis, M. Ojala, O. Ruottinen, M. Georges // *Journal of dairy science*. – 2001. – V. 84. – №. 2. – pp. 507-514.

163. Iovenko, V. Genetic diversity and population structure of breeds of Askanian sheep by analysing polymorphisms in qualitative trait loci / V. Iovenko, Y. Vdovychenko, N. Pysarenko, K. Skrepets, I. Hladii // *Agricultural Science and Practice*. – 2020. – V. 7. – №. 1. – C. 3-13.

164. Issakowicz, J. Crossbreeding locally adapted hair sheep to improve productivity and meat quality / J. Issakowicz, A.C.K.S. Issakowicz, M.S. Bueno, R.L.D.D. Costa, A.T. Geraldo, A.L. Abdalla, H. Louvandini // *Scientia Agricola*. – 2018. – V. 75. – pp. 288-295.

165. Jawasreh, K.I. Association between MspI calpastatin gene polymorphisms, growth performance, and meat characteristics of Awassi sheep / K.I. Jawasreh, R. Jadallah, A.H. Al-Amareen, A.Y. Abdullah, A. Al-Qaisi, I.M. Alrawashdeh, B. Obeidat // *Indian J. Anim. Sci.* – 2017. – V. 87. – №. 5. – pp. 635-639.

166. Jawasreh, K.I. Effects of calpastatin gene polymorphism on hematology and selected serum biochemical parameters in Awassi lambs / K.I. Jawasreh, Z.B. Ismail // *Journal of Advanced Veterinary and Animal Research*. – 2019. – V. 6. – №. 2. – P. 193.

167. Jia, J.L. Study of the correlation between GH gene polymorphism and growth traits in sheep / J.L. Jia, L.P. Zhang, J.P. Wu, Z.J. Ha, W.W. Li // *Genetics and molecular Research*. – 2014. – V. 13. – №. 3. – pp. 7190-7200.

168. Jiang, L. Genome wide association studies for milk production traits in Chinese Holstein population / L. Jiang, J. Liu, D. Sun, P. Ma, X. Ding, Y. Yu, Q. Zhang // *PloS one*. – 2010. – V. 5. – №. 10. – P. e13661.

169. Jurk, K. Platelets: physiology and biochemistry / K. Jurk, B.E. Kehrel // *Seminars in thrombosis and hemostasis*. – Thieme Medical Publishers, 2005. – V. 31. – №. 4. – pp. 381-392.

170. Karásková, K. Current use of phytogetic feed additives in animal nutrition: a review / K. Karásková, P. Suchý, E. Straková // *Czech J Anim Sci*. – 2015. – V. 60. – №. 12. – pp. 521-530.

171. Kharzinova, V.R. A study of applicability of SNP chips developed for bovine and ovine species to whole-genome analysis of reindeer *Rangifer tarandus* / V.R. Kharzinova, A.A. Sermyagin, E.A. Gladyr, I.M. Okhlopov, G. Brem, N.A. Zinovieva // *Journal of heredity*. – 2015. – V. 106. – №. 6. – pp. 758-761.

172. Khlestkina, E.K. Genes determining the coloration of different organs in wheat / E.K. Khlestkina // *Russian Journal of Genetics: Applied Research*. – 2013. – V. 3. – №. 1. – pp. 54-65.

173. Kijas, J.W. A genome wide survey of SNP variation reveals the genetic structure of sheep breeds / J.W. Kijas, D. Townley, B.P. Dalrymple, M.P. Heaton, J.F. Maddox, A. McGrath, International Sheep Genomics Consortium // *PloS one*. – 2009. – V. 4. – №. 3. – P. e4668.

174. Kijas, J.W. Genome-wide analysis of the world's sheep breeds reveals high levels of historic mixture and strong recent selection / J.W. Kijas, J.A. Lenstra, B. Hayes, S. Boitard, L.R. Porto Neto, M. San Cristobal, International Sheep Genomics Consortium. // *PLoS biology*. – 2012. – V. 10. – №. 2. – P. e1001258.

175. Kijas, J.W. Genome-wide association reveals the locus responsible for four-horned ruminant / J.W. Kijas, T. Hadfield, M. Naval Sanchez, N. Cockett // *Animal genetics*. – 2016. – V. 47. – №. 2. – pp. 258-262.

176. Kırkpınar, F. *Animal Husbandry and Nutrition* / F. Kırkpınar, Z. Açıkgoz. – IntechOpen, 2018.

177. Kolosov, Y. Effect of the Cast Gene on Sheep Meat Qualities / Y. Kolosov, A. Kolosov, N. Shirokova, M. Kobyakova, D. Osepchuk, A. Kulikova, V. Aboneev // *International Scientific Conference Fundamental and Applied Scientific Research in the Development of Agriculture in the Far East*. – Springer, Cham, 2021. – pp. 1160-1166.

178. Kominakis, A. Combined GWAS and ‘guilt by association’-based prioritization analysis identifies functional candidate genes for body size in sheep / A. Kominakis, A.L. Hager-Theodorides, E. Zoidis, A. Saridaki, G. Antonakos, G. Tsiamis // *Genetics Selection Evolution*. – 2017. – V. 49. – №. 1. – pp. 1-16.

179. Kumar, K.G. Genetic relationship among four Indian breeds of sheep using RAPD-PCR / K.G. Kumar, P. Kumar, T.K. Bhattacharya, B. Bhushan, A.K. Patel, V. Choudhary, A. Sharma // *Journal of Applied Animal Research*. – 2003. – V. 24. – №. 2. – pp. 177-183.

180. Kutlu, H. White blood cells detection and classification based on regional convolutional neural networks / H. Kutlu, E. Avci, F. Özyurt // *Medical hypotheses*. – 2020. – V. 135. – P. 109472.

181. Lazăr, C. Review regarding the genomic evolution in sheep milk production and their application to improve the selection criteria / C. Lazăr, M.A. Gras, R.Ş. Pelmu, C.M. Rotar, F. Popa // *Emirates Journal of Food and Agriculture*. – 2020. – pp. 691-701.

182. Lenis-Valencia, C. Polymorphisms of the CAPN, CAST, LEP, GH, GHR, IGF-1 and MSTN loci of Colombian Creole hair x Pelibuey sheep sheep crossbreeds / C. Lenis-Valencia, D. Hernández-Herrera, L. Álvarez-Franco // *Veterinarska stanica*. – 2021. – V. 52. – №. 1. – pp. 35-44.

183. Li, S. The Construction of the Genetic Relationship Between Six Pig Species by AFLP Method [J] / S. Li, Y. Xiong, C. Deng // *China Animal Husbandry & Veterinary Medicine*. – 2009. – V. 4.

184. Lushnikov, V. Influence of DNA-Markers Kap 1.3, Cast, Lep 387 on the Productivity of Sheep of the Caucasian and Edilbaevskaya Breeds / V. Lushnikov, A. Strilchuk // *BIO Web of Conferences*. – EDP Sciences, 2022. – V. 43. – P. 03033.

185. Ma, G.W. Polymorphisms of FST gene and their association with wool quality traits in Chinese Merino sheep / G.W. Ma, Y.K. Chu, W.J. Zhang, F.Y. Qin, S.S. Xu, H. Yang, N. Wang // *PloS One*. – 2017. – V. 12. – №. 4. – P. e0174868.

186. Machado, A.L. Single loci and haplotypes in CAPN1 and CAST genes are associated with growth, biometrics, and in vivo carcass traits in Santa Inês sheep. / A.L. Machado, A.N. Meira, E.N. Muniz, H.C. Azevedo, L.L.

Coutinho, G.B. Mourão, L.F.B. Pinto // *Ann. Anim. Sci.* – 2020. – V. 20. – №. 2. – pp. 465–483.

187. Mancini, G. Signatures of selection in five Italian cattle breeds detected by a 54K SNP panel / G. Mancini, M. Gargani, G. Chillemi, E.L. Nicolazzi, P.A. Marsan, A. Valentini, L. Pariset // *Molecular biology reports.* – 2014. – V. 41. – №. 2. – pp. 957-965.

188. McNatty, K.P. Physiological effects of major genes affecting ovulation rate in sheep / K.P. McNatty, S.M. Galloway, T. Wilson, P. Smith, N.L. Hudson, A. O'Connell, J.L. Juengel // *Genetics Selection Evolution.* – 2005. – V. 37. – №. Suppl. 1. – pp. S25-S38.

189. Mekuria, S.A. Small ruminant fattening practices in Amhara region, Ethiopia / S.A. Mekuria, A.A. Teshager, A.G. Endeshaw, M.B. Atinaw, A.T. Sendeku // *Agriculture & Food Security.* – 2018. – V. 7. – №. 1. – pp. 1-9.

190. Meuwissen, T.H.E. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps / T.H.E. Meuwissen, B.J. Hayes, M.E. Goddard // *Genetics.* – 2001. – T. 157. – №. 4. – C. 1819-1829.

191. Mohammadi, H. Association between single nucleotide polymorphism in the ovine DGAT1 gene and carcass traits in two Iranian sheep breeds / H. Mohammadi, M.M. Shahrehabak, M. Sadeghi // *Animal biotechnology.* – 2013. – V. 24. – №. 3. – pp. 159-167.

192. Mohammed, S.F. A review on effects of yeast (*Saccharomyces cerevisiae*) as feed additives in ruminants performance / S.F. Mohammed, F.A. Mahmood, E.R. Abas // *J. Entomol. Zool. Stud.* – 2018. – V. 6. – pp. 629-635.

193. Montes, V.D. Polymorphisms of the calpain and calpastatin genes in two populations of colombian creole sheep / V.D. Montes, V.C. Lenis, H.D. Hernández // *Revista MVZ Córdoba.* – 2019. – V. 24. – №. 1. – pp. 7113-7118.

194. Montossi, F. Sustainable sheep production and consumer preference trends: Compatibilities, contradictions, and unresolved dilemmas / F. Montossi, M. Font-i-Furnols, M. Del Campo, R. San Julián, G. Brito, C. Sañudo // *Meat science.* – 2013. – V. 95. – №. 4. – pp. 772-789.

195. Muñoz-Osorio, G.A. Technologies and strategies for improving hair lamb fattening systems in tropical regions: a review / G.A. Muñoz-Osorio, A.J. Aguilar-Caballero, L.A. Sarmiento-Franco, M. Wurzinger, R. Cámara-Sarmiento // *Ecosistemas y recursos agropecuarios*. – 2016. – V. 3. – №. 8. – pp. 267-277.

196. Mura, M.C. Analysis of polymorphism within POU1F1 gene in relation to milk production traits in dairy Sarda sheep breed / M.C. Mura, C. Daga, M. Paludo, S. Luridiana, M. Pazzola, S. Bodano, V. Carcangiu // *Molecular biology reports*. – 2012. – V. 39. – №. 6. – pp. 6975-6979.

197. Naqvi, A.N. Application of molecular genetics technologies in livestock production: potentials for developing countries / A.N. Naqvi // *Advances in Biological Research*. – 2007. – V. 1. – №. 3-4. – pp. 72-84.

198. Nascimento, A. Carcass and commercial cut yield of Santa Inês sheep affected by polymorphisms of the LEP gene / A.N. Meira, G.C.M. Moreira, L.L. Coutinho, G.B. Mourão, H.C. Azevedo, E.N. Muniz, L.F.B. Pinto // *Small Ruminant Research*. – 2018. – V. 166. – pp. 121-128.

199. Nigmatullina, N.V. Molecular markers used to determine the genetic diversity and species identification of wild plants / N.V. Nigmatullina, A.R. Kuluev, B.R. Kuluev // *Biomika*. – 2018. – V. 10. – №. 3. – P. 290.

200. Ojo, V.O.A. Effects of supplementing herbaceous forage legume pellets on growth indices and blood profile of West African dwarf sheep fed Guinea grass / V.O.A. Ojo, D.K. Oyaniran, A.O. Ogunsakin, R.Y. Aderinboye, O.O. Adelusi, F.S. Odusoga // *Tropical animal health and production*. – 2019. – V. 51. – №. 4. – pp. 867-877.

201. Osman, N.M. Genetic variations in the Myostatin gene affecting growth traits in sheep / N.M. Osman, H.I. Shafey, M.A. Abdelhafez, A.M. Sallam, K.F. Mahrous // *Veterinary World*. – 2021. – V. 14. – №. 2. – P. 475.

202. Ozmen O. Polymorphism of sheep POU1F1 gene exon 6 and 3'UTR region and their association with milk production traits / O. Ozmen, S. Kul, E.O. Unal // *Iranian journal of veterinary research*. – 2014. – V. 15. – №. 4. – P. 331.

203. Paiva, S.R. Genetic variability of the Brazilian hair sheep breeds / S.R. Paiva, V.C. Silvério, A.A. Egito, C. McManus, F.D.A. Daria, A.D.S. Mariante, J.A. Dergam // *Pesquisa agropecuaria brasileira*. – 2005. – V. 40. – №. 9. – pp. 887-893.
204. Pan, Z. Whole-genome sequences of 89 Chinese sheep suggest role of RXFP2 in the development of unique horn phenotype as response to semi-feralization / Z. Pan, S. Li, Q. Liu, Z. Wang, Z. Zhou, R. Di, Y. Li // *GigaScience*. – 2018. – V. 7. – №. 4. – P. giy019.
205. Petrović, M.P. The effect of crossbreeding systems on lamb meat production / M.P. Petrović, L. Sretenović, D. Ruzić Muslić, N. Pacinovski, N. Maksimović // *Macedonian journal of animal science*. – 2011. – V. 1. – №. 1. – pp. 57-60.
206. Petrovic, P.M. Trends and challenges in the genetic improvement of farm animals / P.M. Petrovic, D.R. Muslic, V.C. Petrovic, N. Maksimovic, B. Cekic, Y.A. Yuldashbaev, M.I. Selionova // *Institute for animal husbandry*. – 2017. – V. 2.
207. Platten, J.D. Criteria for evaluating molecular markers: Comprehensive quality metrics to improve marker-assisted selection / J.D. Platten, J.N. Cobb, R.E. Zantua // *PloS one*. – 2019. – V. 14. – №. 1. – P. e0210529.
208. Pogodaev, V. Features of polymorphism of calpastatin and somatotropin genes in young sheep, obtained from crossing ewes of Kalmyk fat-rumped sheeps and dorper rams / V. Pogodaev, B. Aduchiev, L. Kononova, M. Aslanukova, I. Kardanova // *E3S Web of Conferences*. – EDP Sciences, 2020. – V. 175. – P. 03020.
209. Prinyakupt, J. Segmentation of white blood cells and comparison of cell morphology by linear and naïve Bayes classifiers / J. Prinyakupt, C. Pluempitiwiriyawej // *Biomedical engineering online*. – 2015. – V. 14. – №. 1. – pp. 1-19.
210. Qasim, M. Estimation of genetic diversity in sheep (*Ovis aries*) using randomly amplified polymorphic DNA / M. Qasim, H. Ahmad, S. Ghafoor, S.G.

Afridi, I. Muhammad, A.K. Imtiaz // *International Journal of Animal and Veterinary Advances*. – 2011. – V. 3. – №. 1. – pp. 6-9.

211. Radzik-Rant, A. The effect of the addition of wet brewers grain to the diet of lambs on body weight gain, slaughter value and meat quality / A. Radzik-Rant, W. Rant, R. Niżnikowski, M. Świątek, Ż. Szymańska, M. Ślęzak, T. Niemiec // *Archives Animal Breeding*. – 2018. – V. 61. – №. 2. – P. 245-251.

212. Sahu, A.R. Advances in genomic strategies to improve growth and meat production traits in sheep: An overview / A.R. Sahu, N. Nayak, M. Panigrahi, S. Kumar // *Indian Journal of Small Ruminants (The)*. – 2017. – V. 23. – №. 2. – pp. 139-147.

213. Sallam, S.M.A. Effects of microbial feed additives on feed utilization and growth performance in growing Barki lambs fed diet based on peanut hay / S.M. Sallam, A.E. Kholif, K.A. Amin, A.N.N. El-Din, M.F. Attia, O.H. Matloup, A.U. Ynele // *Animal biotechnology*. – 2020. – V. 31. – №. 5. – pp. 447-454.

214. Selionova, M.I. Meat productivity of sheep of the Altai Mountain breed of different genotypes according to the CAST and GDF9 genes / M.I. Selionova, L.N. Chizhova, E.S. Surzhikova, N.A. Podkorytov, A.T. Podkorytov, T.V. Voblikova // *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*. – IOP Publishing, 2020. – V. 613. – №. 1. – P. 012130.

215. Shadskaja, I. Current state and prospects of development of sheep and goat breeding in the Russian Federation / I. Shadskaja, E. Kryukova, O. Kaurova, A. Maloletko, L. Druchevskaya // *Biosciences Biotechnology Research Asia*. – 2015. – V. 12. – №. 1. – pp. 507-519.

216. Sherman, E.L. Polymorphisms and haplotypes in the bovine neuropeptide Y, growth hormone receptor, ghrelin, insulin-like growth factor 2, and uncoupling proteins 2 and 3 genes and their associations with measures of growth, performance, feed efficiency, and carcass merit in beef cattle / E.L. Sherman, J.D. Nkrumah, B.M. Murdoch, C. Li, Z. Wang, A. Fu, M.S. Soore // *Journal of animal science*. – 2008. – V. 86. – №. 1. – pp. 1-16.

217. Shirokova, N.V. Genetic structure of the herd by genes GDF9, GH, CAST in merino sheep of the North Caucasus region of Russia / N.V. Shirokova, A.Y. Kolosov, Y.A. Kolosov, L.V. Getmantseva, N.F. Bakoev, E.S. Vorontsova, N.N. Kolosova // IOP Conference Series: Earth and Environmental Science. – IOP Publishing, 2021. – V. 677. – №. 5. – P. 052113.

218. Sorbolini, S. Detection of selection signatures in Piemontese and Marchigiana cattle, two breeds with similar production aptitudes but different selection histories / S. Sorbolini, G. Marras, G. Gaspa, C. Dimauro, M. Cellesi, A. Valentini, N.P. Macciotta // Genetics Selection Evolution. – 2015. – V. 47. – №. 1. – pp. 1-13.

219. Souza, C.J.H. The Booroola (FecB) phenotype is associated with a mutation in the bone morphogenetic receptor type 1 B (BMPR1B) gene / C.J.H. Souza, C. MacDougall, B.K. Campbell, A.S. McNeilly, D.T. Baird // Journal of Endocrinology. – 2001. – V. 169. – №. 2. – P. R1.

220. Suliman, G.M. A Comparative Study of Sheep Breeds: Fattening Performance, Carcass Characteristics, Meat Chemical Composition and Quality Attributes / G.M. Suliman, A.N. Al-Owaimer, A.M. El-Waziry, E.O.S. Hussein, K. Abuelfatah, A.A. Swelum // Frontiers in Veterinary Science. – 2021. – V. 8.

221. Sumantri, C. Polimorfisme gen calpastatin (CAST-Msp1) dan pengaruhnya terhadap bobot hidup domba lokal / C.E.C.E. Sumantri, R. Diyono, A. Farajallah, I. Inounu // JITV. – 2008. – V. 13. – №. 2. – pp. 117-126.

222. Sutthi, N. Effects of dietary leaf ethanolic extract of *Apium graveolens* L. on growth performance, serum biochemical indices, bacterial resistance and lysozyme activity in *Labeo chrysophekadion* (Bleeker, 1849) / N. Sutthi, A. Panase, C. Chitmanat, S. Sookying, K. Ratworawong, P. Panase // Aquaculture Reports. – 2020. – V. 18. – P. 100551.

223. Tahmoorespur, M. Association of the polymorphism in the 5' flanking region of the ovine IGF-I gene with growth traits in the Baluchi sheep / M.Tahmoorespur, , M.Valeh, , M.Nassiry, , A.Moussavi, , & M Ansary, // South African Journal of Animal Science. – 2009. – V. 39. – №. 1. – pp. 97-101.

224. Takahashi, L.S. Serum bactericidal activity as indicator of innate immunity in pacu *Piaractus mesopotamicus* (Holmberg, 1887) / L.S. Takahashi, F. Pilarski, F.A. Sebastião, E.C. Urbinati // *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*. – 2013. – V. 65. – pp. 1745-1751.

225. Tigner, A. Histology, white blood cell / A. Tigner, S.A. Ibrahim, I. Murray // *StatPearls* [Internet]. – StatPearls Publishing, 2021.

226. Valencia, C.P. L. Association of single nucleotide polymorphisms in the CAPN, CAST, LEP, GH, and IGF-1 genes with growth parameters and ultrasound characteristics of the Longissimus dorsi muscle in Colombian hair sheep / C.P.L. Valencia, L.Á.Á. Franco, D.H. Herrera // *Tropical Animal Health and Production*. – 2022. – V. 54. – №. 1. – pp. 1-10.

227. Wang, F. Polymorphism Detection of GDF9 Gene and Its Association with Litter Size in Luzhong Mutton Sheep (*Ovis aries*) / F. Wang, M. Chu, L. Pan, X. Wang, X. He, R. Zhang, R. Di // *Animals*. – 2021. – V. 11. – №. 2. – P. 571.

228. Wang, J. Two single nucleotide polymorphisms in the promoter of the ovine myostatin gene (MSTN) and their effect on growth and carcass muscle traits in New Zealand Romney sheep / J. Wang, H. Zhou, J. Hu, S. Li, Y. Luo, J.G. Hickford // *Journal of Animal Breeding and genetics*. – 2016. – V. 133. – №. 3. – pp. 219-226.

229. Wang, X. Discovery of SNPs in RXFP2 related to horn types in sheep / X. Wang, G. Zhou, Q. Li, D. Zhao, Y. Chen // *Small Ruminant Research*. – 2014. – V. 116. – №. 2-3. – pp. 133-136.

230. Wiedemar, N. 1.8 kb insertion in the 3'UTR of RXFP2 is associated with polledness in sheep / N. Wiedemar, C.A. Drögemüller // *Animal genetics*. – 2015. – V. 46. – №. 4. – pp. 457-461.

231. Wijayanti, D. Genetic polymorphisms within the ETAA1 gene associated with growth traits in Chinese sheep breeds / D. Wijayanti, S. Erdenee, Z. Akhatayeva, L. Hi, J. Li, Y. Cai, X. Lan // *Animal Genetics*. – 2022. – V. 53. – №. 3. – pp. 460-465.

232. Xu, Q.L. Polymorphism of DGAT1 associated with intramuscular fat mediated tenderness in sheep / Q.L. Xu, Y.L. Chen, R.X. Ma, P. Xue // *Journal of the Science of Food and Agriculture*. – 2009. – V. 89. – №. 2. – pp. 232-237.

233. Yadav, A.K. Importance of molecular markers in livestock improvement: a review / A.K. Yadav, S.S. Tomar, A.K. Jha, J. Singh // *International Journal of Agriculture Innovations and Research*. – 2017. – V. 5. – №. 4. – pp. 614-622.

234. Yakovlev, A.F. Genomic selection and prediction of offspring quality in animals / A.F. Yakovlev // *Herald of the Russian Academy of Sciences*. – 2018. – V. 88. – №. 5. – pp. 401-404.

235. Yang, L. Optimization of an enrichment process for circulating tumor cells from the blood of head and neck cancer patients through depletion of normal cells / L. Yang, J.C. Lang, P. Balasubramanian, K.R. Jatana, D. Schuller, A. Agrawal, J.J. Chalmers // *Biotechnology and bioengineering*. – 2009. – V. 102. – №. 2. – pp. 521-534.

236. Yilmaz, O. Association of Calpastatin (CAST) gene polymorphism with weaning weight and ultrasonic measurements of loin eye muscle in Kivircik lambs / O. Yilmaz, I. Cemal, O. Karaca, N. Ata // *Journal of the Faculty of Veterinary Medicine, Kafkas University*. – 2014. – V. 20. – №. 5. – pp. 675-680.

237. Zhang, L. Genome-wide association studies for growth and meat production traits in sheep / L. Zhang, J. Liu, F. Zhao, H. Ren, L. Xu, J. Lu, L. Du // *PloS one*. – 2013. – V. 8. – №. 6. – P. e66569.

238. Zhang, L. Identification of MEF2B and TRHDE gene polymorphisms related to growth traits in a new Ujumqin sheep population / L. Zhang, X. Ma, J. Xuan, H. Wang, Z. Yuan, M. Wu, L. Du // *PLoS One*. – 2016. – V. 11. – №. 7. – P. e0159504.