

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ МАРКИРОВАНИЕ ЖИВОЙ МАССЫ ОВЕЦ МЯСНОГО НАПРАВЛЕНИЯ ПРОДУКТИВНОСТИ В РАННЕМ ВОЗРАСТЕ

М.И. СЕЛИОНОВА, Ю.А. ЮЛДАШБАЕВ, М.Ю. ГЛАДКИХ, С.О. ЧЫЛБАК-ООЛ

(Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева)

В исследованиях проведен анализ генетического разнообразия полиморфизма в генах кальпаина (CAPN1) и лептина (LEP) у разных половозрастных групп калмыцкой курдючной породы и влияния разных генотипов на живую массу и среднесуточный прирост у ярок и баранчиков. Установлено, что у баранов-производителей в локусе CAPN1 выше доля аллеля С, а среди овцематок аллели Т и С встречались с одинаковой частотой. У ярок и баранчиков в отличие от родительского поголовья чаще выявлялся аллель Т. В локусе LEP наиболее часто встречались животные с генотипом АG. Для обоих локусов не выявлены отклонения от равновесия Харди-Вайнберга. Живая масса ярок и баранчиков разных генотипов по гену CAPN1 не различалась при рождении, но к возрасту отбивки как баранчики, так и ярок с генотипом СС, превосходили молодняк других генотипов. Не выявлены достоверные различия между живой массой и среднесуточным приростом у ярок и баранчиков разных генотипов по гену LEP, за исключением того, что баранчики генотипа АА характеризовались большей живой массой при рождении, чем их сверстники. Установлено, что бараны-производители с генотипом АА достоверно уступали по живой массе баранам с другими генотипами, в то время как овцематки с генотипом АА, напротив, превосходили овцематок других групп по этому признаку.

Ключевые слова: живая масса, генотипирование, калмыцкая курдючная порода, CAPN1, LEP.

Введение

Как показывает практика мясного овцеводства в большинстве стран мира, коммерческое будущее этой отрасли зависит не только от объемов произведенной мясной продукции, но и от ее качества. С производственной точки зрения это означает, что наибольший экономический эффект может быть достигнут при возможности как можно раньше оценивать животных не только фенотипически, но и в первую очередь генотипически, по таким важным признакам, как скорость роста, качество туши и мяса [10].

К настоящему времени был проведен ряд исследований на овцах шерстного и мясо-шерстного направления продуктивности, в которых представлены данные о наличии связи между полиморфными состояниями отдельных генов и признаками мясной продуктивности [11].

Живая масса при рождении, масса при отъеме, кондиции тела и скорость роста мышц являются полигенными признаками, однако на нескольких видах сельскохозяйственных животных выявлено влияние на них отдельных генов. Одним из таких генов является лептин (LEP), который известен как регулятор жировых отложений, влияющий на процессы метаболизма липидов, а также на аппетит и, следовательно, на скорость роста животного. Лептин также оказывает влияние на воспроизводительные качества и морфологический состав туши [8]. Еще один ген – гормон роста (GH) – играет важную роль в организме животных еще до рождения, поскольку

он вовлечен в деление и рост клеток, формирование хрящей, увеличение костной, мышечной и висцеральной тканей [7]. Значимую роль играет ген кальпаина (*CAPN*), который связан с распадом мышечных белков, в то время как ген кальпастина (*CAST*) является ингибитором действия кальпаина, замедляя и размягчая мышечную ткань после забоя животных.

В дополнение к вышеуказанному о механизме действия кальпаин-кальпастиновой системы имеются сведения о связи кальпаинов с ростом мышц на разных стадиях развития организма, а также с деградацией белков, встроенных в миофибриллы мышц, что способствует потере мышечной массы [1]. Именно поэтому понимание генетических механизмов, определяющих динамику роста животных и особенности формирования туш, является крайне важным для повышения продуктивности мясных овец и улучшения качества баранины.

Важным инструментом в программах генетического улучшения животных является выявление ассоциаций полиморфных вариантов генов *LEP*, *GH*, *CAPN* и ряда других со скоростью прироста живой массой, качественными характеристиками баранины [6]. Разработка методов комплексной оценки и ранней диагностики продуктивных качеств в овцеводстве на основе генотипирования является актуальным направлением исследований как в нашей, так и в других странах [2, 4, 5].

Если для заводских пород овец мясного направления продуктивности подобные работы были проведены, то в отношении отечественных пород они практически не встречаются. Одной из таких аборигенных пород в России является калмыцкая курдючная, селекционная работа с которой представляет огромный интерес, поскольку в Республике Калмыкия возникла необходимость увеличения производства баранины и, следовательно, развития скороспелого мясо-сального овцеводства [3].

Цель исследований: определение наличия связи между показателями живой массы и среднесуточного прироста с однонуклеотидными полиморфизмами, расположенными в генах *CAPN* и *LEP*, на примере овец калмыцкой курдючной породы.

Материал и методы исследований

Базой для исследований явилось опытное хозяйство «АРЛ» Калмыцкого НИИ сельского хозяйства имени М.Б. Нармаева – филиала ФГБНУ «ПАФНЦ РАН».

Для анализа были отобраны 6 баранов и 20 овцематок калмыцкой курдючной породы, от которых получили 26 потомков (12 ярочек и 14 баранчиков). Живая масса устанавливалась путем взвешивания с точностью до 0,1 кг: у взрослых животных – однократно, у молодняка – при рождении и в 4-месячном возрасте. Среднесуточный прирост определяли как разность значений живой массы в начале и конце периода учета, разделив на число дней с момента последнего взвешивания.

Все животные находились на пастбищно-стойловом содержании, при этом период на пастбище составлял 285 дней. Структура рациона овец представляет собой следующее: 75–80% – трава естественных пастбищ (ковыль, типчак, солянка); 8–10% – концентрат; 10–15% – грубые корма. Типовой рацион на день включает в себя: 3–4 кг пастбищной травы; 1,5 кг злаково-бобового сена; 0,25 кг концентрированного корма (50% ячменя, 40% кукурузы, 10% шрота подсолнечникового); 0,08 кг минеральной подкормки.

В качестве образцов для генотипирования использовали цельную кровь, собранную в пробирки с этилендиаминтетрауксусной кислотой, а также ушные выщипы. Экстракцию ДНК проводили с использованием набора ДНК-Экстран-1 («Синтол»,

Москва) согласно инструкции, предоставленной фирмой-производителем. Выделенные образцы геномной ДНК анализировали при помощи HRM-анализа на приборе CFX96 (BioRad, США), применяя следующие праймеры: для амплификации фрагмента локуса *CAPNI* – F 5'-AACATTCTCAACAAAGTGGTG-3' и R5'-ACATC-CATTACAGCCACCAT-3'; для *LEP* – F5'-CGCAAGGTCCAGGATGACACC3', R5'-GTCTGGGAGGGAGGAGAGTGA-3' [10]. Условия проведения амплификации и HRM-анализа: 1) +95°C – 4 мин; 2) (+94°C – 45 с, +62°C – 45 с, +72°C – 45 с) × 45 циклов; 3) +72°C – 7 мин [13, 14]. Полученные данные обрабатывали с помощью программного обеспечения для HRM-анализа Precision Melt Analysis™ Software, а также надстройки Microsoft Office Excel 2019. Для оценки достоверности разности показателей применяли критерий Стьюдента с уровнем значимости не ниже $p < 0,05$.

Результаты и их обсуждение

Визуализация результатов HRM-анализа представлена на рисунке.

Анализ частот аллелей в локусе *CAPNI* у родительского поголовья и полученного от них потомства показал, что частоты аллелей С и Т различны у родителей и потомства (табл. 1). Если среди овцематок частоты обоих аллелей одинаковы (0,5 у каждого), то у баранов-производителей преобладает встречаемость аллеля С. Однако у их потомства наблюдалось увеличение частоты встречаемости аллеля Т до 0,77.

Несколько иная картина наблюдается в распределении частот аллелей по локусу *LEP*: у производителей частота аллеля G выше частоты аллеля А, при этом у овцематок встречаемость аллеля G ниже, чем у баранов.

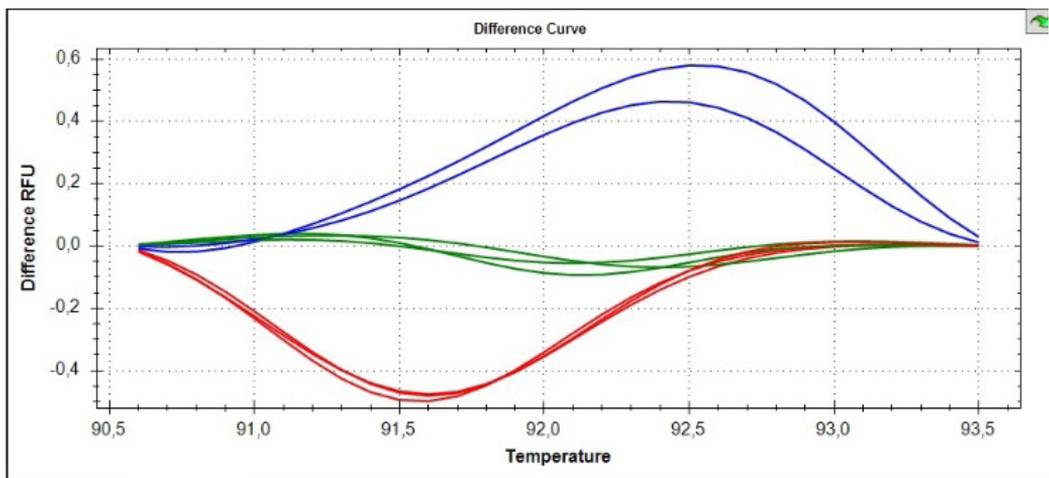
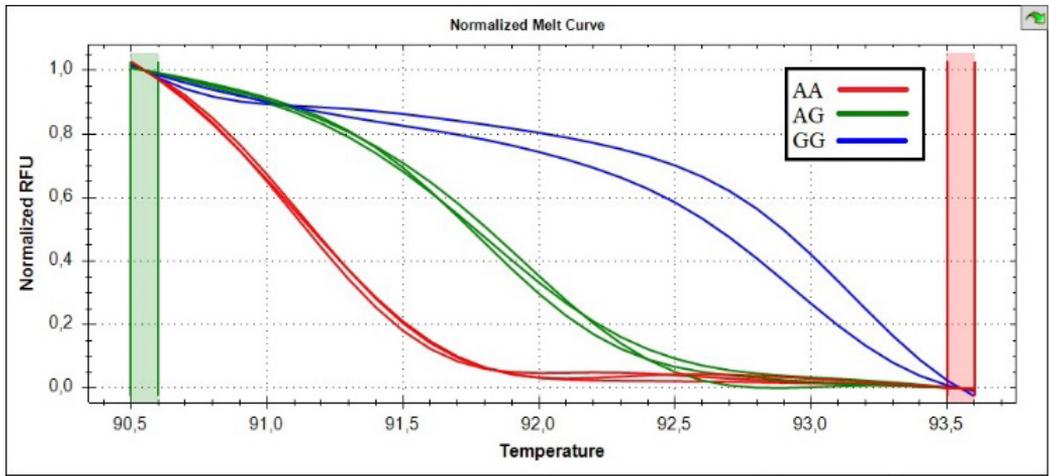
Если сравнивать частоты аллеля у потомков, то в целом у молодняка в отличие от родителей доля аллеля А выше, чем доля аллеля G. При этом если у ярочек доли обоих аллелей абсолютно равны, то у баранчиков аллель А встречается практически в два раза чаще, чем аллель G.

Наблюдаемое изменение частот аллелей у потомства по сравнению с родителями может быть свидетельством того, что в системе спаривания применяется асортативное скрещивание, а также имеет место разная интенсивность отбора и использования баранов-производителей, имеющих различный комплексный генотип по обоим локусам.

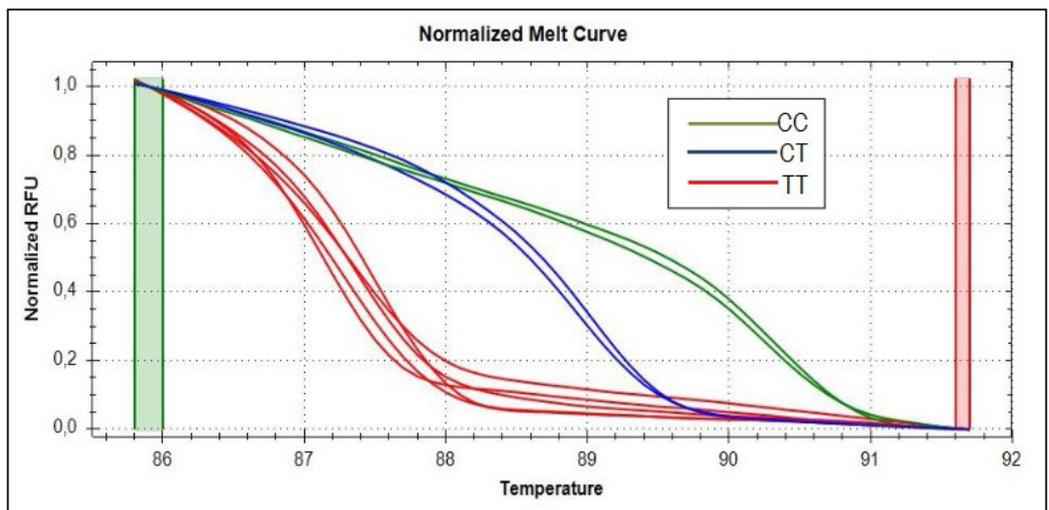
В локусе *CAPNI* не выявлено достоверно значимое отклонение распределения наблюдаемых частот генотипов от теоретически ожидаемых ни у родителей, ни у их потомства. Можно отметить, однако, что у баранов отмечается некоторое увеличение наблюдаемой доли гетерозигот (66,6% против 44,5%), а у овцематок, напротив, отмечено снижение наблюдаемой доли гетерозигот (19,0% против 51,0%). У баранчиков и ярочек наибольшую долю составляли гетерозиготы (СТ) и гомозиготы ТТ, показывая при этом тенденцию роста по сравнению с ожидаемыми частотами.

Научные исследования, проведенные на разных породах овец (египетский и колумбийских креольских), показали, что в конкретных технологических и климатических условиях при отборе по признакам мясной продуктивности может наблюдаться в одних случаях дефицит аллелей Т и, следовательно, генотипов ТТ, а в других случаях – напротив, их избыток и недостаток аллелей С и генотипов СС [8].

В таблице 2 представлен анализ распределения генотипов у родителей и потомства по обоим исследованным локусам с оценкой соответствия наблюдаемого распределения генотипов равновесию Харди-Вайнберга.



a



б

Рис. Результаты HRM-анализа в программе Precision Melt Analysis™ Software для генов *LEP* (*a*) и *CAPNI* (*б*)

Таблица 1

Частоты аллелей локусов *CAPN1* и *LEP* у баранов-производителей, овцематок и молодняка калмыцкой курдючной породы

Локус и аллель	Родительское стадо		Молодняк		
	Бараны-производители	Овцематки	Баранчики	Ярочки	По всем
Локус <i>CAPN1</i>					
C	0.67±0.08	0.50±0.04	0.214±0.06	0.250±0.07	0.231±0.03
T	0.33±0.08	0.50±0.03	0.786±0.06	0.750±0.07	0.769±0.03
Локус <i>LEP</i>					
A	0.417±0.08	0.450±0.05	0.643±0.07	0.500±0.08	0.577±0.04
G	0.583±0.08	0.550±0.05	0.357±0.07	0.500±0.08	0.423±0.04

Таблица 2

Распределение генотипов по локусам *CAPN1* и *LEP* у баранов-производителей, овцематок и молодняка калмыцкой курдючной породы, %

Локус и генотип	Родительское стадо				Молодняк					
	Бараны		Овцематки		Баранчики		Ярочки		По всем	
	Н	О	Н	О	Н	О	Н	О	Н	О
	Локус <i>CAPN1</i>									
CC	34.4	42.3	41.0	25.4	16.6	5.6	15.3	5.5	16.6	6.2
CT	65.6	48.4	18.0	50.6	14.4	36.2	13.4	33.1	17.0	37.6
TT	0.0	11.3	41.0	24.0	69.0	58.2	71.3	72.4	66.4	56.3
χ^2	0.30		20.4		2.01		0.43		0.31	
Локус <i>LEP</i>										
AA	16.6	17.5	9.9	20.4	23.0	33.3	28.6	41.5	16.6	26.0
AG	50.0	48.5	70.0	49.3	69.2	48.7	71.4	45.8	66.6	49.0
GG	33.4	34.0	20.1	30.3	7.8	17.8	0.0	12.7	16.8	25.0
χ^2	0.21		1.73		2.26		2.15		0.66	

Примечание. Н – наблюдаемая частота; О – ожидаемая частота, стандартное значение χ^2 – 3,84.

В локусе *LEP*, невзирая на расчетное превышение наблюдаемой частоты гетерозигот AG как в родительских группах, так и в группах молодняка, также соблюдается равновесие Харди-Вайнберга.

Маркер-ассоциированная селекция, и как один из этапов – определение генотипов животных в раннем возрасте, повышает темпы генетического прогресса по живой массе и среднесуточному приросту только в том случае, если установлены ассоциативные связи между выбранным признаками.

Сравнение средней живой массы баранов разных генотипов по локусу *CAPN1* показало, что гетерозиготы СТ достоверно уступали гомозиготам СС. При этом отбор баранов-производителей осуществлялся с высокой интенсивностью, в результате чего к племенному использованию не допускались животные с генотипом ТТ. Такие результаты селекции свидетельствуют о том, что аллель Т демонстрирует понижающий эффект на живую массу баранов. Среди овцематок разных генотипов не выявлены достоверные различия по средней живой массе. С учетом того, что доля овцематок с генотипом ТТ составляет практически 41%, но понижающего эффекта аллеля Т не наблюдается, то, возможно, проявление действия аллеля Т имеет разное результирующее значение для баранов и овцематок, и это требует повторного исследования с привлечением большего числа баранов и овцематок.

Сравнение живой массы баранов разных генотипов по локусу *LEP* показало, что животные с генотипом АА достоверно уступали баранам с генотипами AG и GG, при этом между двумя последними группами достоверные различия не установлены. Именно поэтому отбор по живой массе может приводить к повышению частоты аллеля G в группе производителей и в группе молодых баранчиков.

Среди овцематок разных генотипов достоверное превосходство по средней живой массе, напротив, показали животные с генотипом АА по отношению к овцематкам как генотипа AG, так и GG. Это значит, можно предполагать, что у баранов и овцематок одни и те же генотипы могут по-разному реализовываться в конечной величине средней живой массы. Однако для однозначного заключения также необходимо провести дополнительные исследования.

При оценке молодняка имеют значение показатели живой массы при рождении и возрасте 4 месяцев после отбивки, а также среднесуточный прирост в этот период как стартовый для дальнейшего прогнозирования пожизненной продуктивности (табл. 4).

При сравнении баранчиков разных генотипов локуса *CAPN1* не выявлены достоверные различия по живой массе при рождении. Однако к возрасту отбивки (4 месяца) как баранчики, так и ярочки, демонстрируют достоверное превосходство над сверстниками с генотипами СТ и ТТ не только по живой массе, но и по среднесуточному приросту.

Таблица 3

Живая масса баранов-производителей и овцематок овец калмыцкой курдючной породы разных генотипов по генам *CAPN1* и *LEP*, кг

Половозрастная группа	Локус <i>CAPN1</i>				Локус <i>LEP</i>			
	Все генотипы	СС	СТ	ТТ	Все генотипы	АА	AG	GG
Бараны	89,3±1,1	91,0*±0,6	87,0±0,4	-	89,3±1,1	85,4*±0,01	90,0±1,1	90,2±1,8
Овцематки	62,3±0,3	62,3±1,2	62,4±1,3	62,0±1,1	62,3±0,3	64,8*±0,1	61,2±0,6	61,7±0,8

*P < 0,05.

Живая масса и среднесуточный прирост баранчиков и ярочек калмыцкой курдючной породы разных генотипов по генам *CAPN1* и *LEP*

Локус <i>CAPN1</i>				Локус <i>LEP</i>			
Гено-тип	Живая масса, кг		Средне-суточный прирост, г	Гено-тип	Живая масса, кг		Средне-суточный прирост, г
	при рождении	4 месяца			при рождении	4 месяца	
Баранчики							
CC	4,7±0,2	42,2±0,5*	308,7±3,6*	AA	4,7±0,1*	41,9±0,7	305,3±4,5
CT	3,7±0,2	38,2±0,4	283,2±3,2	AG	4,1±0,2	41,2±0,8	304,3±5,6
TT	4,4±0,3	40,9±0,3	299,1±2,7	GG	-	-	-
Ярочки							
CC	4,1±0,3	40,0±0,7*	297,2±5,6*	AA	3,6±0,4	36,1±1,2	266,0±1,6
CT	3,4±0,1	36,3±0,5	271,2±6,1	AG	3,6±0,1	36,2±1,1	267,1±8,3
TT	3,6±0,1	34,6±0,6	253,2±5,9	GG	3,8±0,0	36,4±0,8	267,9±2,1

*P < 0,05.

При сравнении молодняка разных генотипов по локусу *LEP* у ярочек разных генотипов не выявлены достоверные различия ни по среднесуточному приросту, ни по средней живой массе в разные возрастные периоды. Напомним, что среди баранчиков не были выявлены животные с генотипом GG. Группа животных с генотипом AA отличалась достоверно большей живой массой при рождении, чем группа с генотипом AG, но к 4-месячному возрасту эти различия стали недостоверными. У ярочек также не установлены достоверные различия по живой массе в разные возрастные периоды. Средняя величина среднесуточного прироста как у баранчиков, так и у ярочек разных генотипов, не имела достоверных различий.

Выводы

Таким образом, полученные результаты дают возможность утверждать, что у баранчиков и ярочек калмыцкой курдючной породы генотип CC в локусе *CAPN1* ассоциирован с большей живой массой в период роста и развития от рождения до 4 месяцев, а присутствие аллеля T оказывает понижающий эффект. Эта же закономерность наблюдается и у баранов-производителей, что является обоснованием целесообразности отбора особей с генотипом CC для повышения доли животных с потенциально более высокой живой массой и скоростью роста.

Что касается гена *LEP*, то не установлена достоверная ассоциация конкретного генотипа с живой массой и среднесуточным приростом у молодняка, в то время как овцематки с генотипом AA показывают преимущество по живой массе над овцематками других генотипов, при этом бараны-производители с генотипом AA достоверно уступают баранам других генотипов. Для получения однозначной информации об ассоциации полиморфизма в гене *LEP* с признаками мясной продуктивности у овец калмыцкой курдючной породы необходимо провести повторные исследования.

Библиографический список

1. Горлов И.Ф., Широкова Н.В., Колосов Ю.А., Беляевская А.В. ДНК-маркеры в селекции овец // Инновации в производстве продуктов питания: от селекции животных до технологии пищевых производств: Материалы Международной научно-практической конференции. – 2019. – С. 164–167.
2. Лушников В.П., Фетисова Т.О., Селионова М.И., Чиждова Л.Н., Суржикова Е.С. Полиморфизм генов соматотропина (*GH*), кальпастатина (*CAST*), дифференциального фактора роста (*GDF 9*) у овец татарстанской породы // Овцы, козы, шерстяное дело. – 2020. – № 1. – С. 2–3.
3. Натъров А.К., Суркова С.А. Продуктивные и племенные качества традиционных видов калмыцкого скота в условиях аридных территорий Юга России // Аграрно-пищевые инновации. – 2018. – № 1 (1). – С. 32–38.
4. Селионова М.И., Айбазов М.М., Мамонтова Т.В. Перспективы использования геномных технологий в селекции овец // Сборник научных трудов Всероссийского научно-исследовательского института овцеводства и козоводства. – 2015. – Т. 3, № 7. – С. 107–112.
5. Azari M.A., Dehnavi E., Yousef S., Shahmohamadi L.A. Polymorphism of Calpastatin, Calpain and Myostatin Genes in Native Dalagh Sheep in Iran // Slovak Journal of Animal Science. – 2012. – Vol. 45, № 1. – Pp. 1–6. – URL: http://www.cvzsv.sk/slju/12_1/Azari-Dehnavi-SJAS-1-2012.pdf.
6. Berry D.P., Conroy S., Pabiou T. et al. Animal Breeding Strategies Can Improve Meat Quality Attributes within Entire Populations // Meat Sci. – 2017. – Vol. 132. – Pp. 6–18. DOI: 10.1016/j.meatsci.2017.04.019.
7. Hajhosseinlo A., Hashemi A., Razavi S., Pirany N. Association of the Polymorphism in the 5' Fanking Region of the Ovine IGF-I gene with Growth and Development Traits in Markui Sheep of Iran // European Journal of Zoological Research. – 2013. – Vol. 2. – Pp. 19–24.
8. Montes D., Lenis C., Hernández D. Polymorphisms of the Calpain and Calpastatin Genes in Two Populations of Colombian Creole Sheep // Rev. MVZ Cordoba. – 2015. – Vol. 24, № 1. – Pp. 7113–7118. DOI: <https://doi.org/10.21897/rmvz.1345>
9. Radhi A.H., Al-khauzai A.L.D., Al-Shuhaib M. Rapid PCRSSCP Screening of Awassi Sheep Using a Short Fragment (260bp) of Leptin Gene // Translational Clinical Biology. – 2015. – Vol. 3, № 1. – Pp. 1–5. DOI: 10.14259/tcb.v3i1.162.
10. Tellam R., Cockett N., Vuocolo T., Bidwell C. Genes Contributing to Genetic Variation of Muscling in Sheep // Frontiers in Genetics. – 2012. – Vol. 3. – Pp. 1–14. DOI: <https://doi.org/10.3389/fgene.2012.00164>
11. Valencia C.P.L., Franco L.Á.Á. & Hernández Herrera D. 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 // Tropical Animal Health and Production. – 2022. – Vol. 54. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11250-022-03086-x>

GENETIC MARKING OF LIVE WEIGHT OF MEAT SHEEP AT AN EARLY AGE

M.I. SELIONOVA, YU.A. YULDASHBAEV, M.YU. GLADKIKH, S.O. CHYLBK-OOL

(Russian State Agrarian University – Moscow Timiryazev Agricultural Academy)

The study analyzed the genetic diversity of polymorphism in the calpain (CAPN) and leptin (LEP) genes in ewes and rams of the Kalmyk fat-tailed breed and the influence of different genotypes on their live weight and average daily gain. It was found that the proportion of the C allele

in the *CAPN1* locus was higher in rams, while the *T* and *C* alleles were equally frequent in ewes. The *T* allele was more common in ewes and rams than in the parent stock. In the *LEP* locus, animals with the *AG* genotype were most common. No deviations from the Hardy-Weinberg equilibrium were found for either locus. Ewes and rams of different genotypes for the *CAPN1* gene did not differ in live weight at birth, but by the age of weaning, both rams and ewes with the *CC* genotype outperformed the young animals of other genotypes. No reliable differences were found between the live weight and average daily gain in ewes and rams of different genotypes for the *LEP* gene, except that the rams of the *AA* genotype were characterized by a higher live weight at birth than their peers. It was found that stud rams with the *AA* genotype were significantly inferior in live weight to rams with other genotypes, while ewes with the *AA* genotype outperformed ewes of other groups in this trait.

Key words: live weight, genotyping, Kalmyk fat-tailed breed, *CAPN1*, *LEP*.

References

1. Gorlov I.F., Shirokova N.V., Kolosov Yu.A., Belyaevskaya A.V. DNA markers in breeding sheep. *Mezhdunarodnaya nauchno-prakticheskaya konferentsiya 'Innovatsii v proizvodstve produktov pitaniya: ot selektsii zhyvotnykh do tekhnologii pishchevykh proizvodstv. February 07–08, 2019.* Persianovskiy, Russia: Don State Agrarian University, 2019:164–167. (In Russ.)
2. Lushnikov V.P., Fetisova T.O., Selionova M.I., Chizhova L.N., Surzhikova E.S. Polymorphism of somatotropin (GH), calpastatin (CAST), differential growth factor (GDF 9) genes in sheep of Tatarstan breed. *Ovtsy, kozy, sherstyanoe delo.* 2020;1:2–3. (In Russ.)
3. Natyrov A.K., Surkova S.A. Productive and breeding qualities of the traditional types of Kalmyk cattle in the conditions of arid territories of the south of Russia. *Agrarno-pishchevye innovatsii.* 2018;1(1):32–38. (In Russ.)
4. Selionova M.I., Aybazov M.M., Mamontova T.V. Prospects for the use of genomic technologies in sheep breeding. *Sbornik nauchnykh trudov Vserossiyskogo nauchno-issledovatel'skogo instituta ovtsevodstva i kozovodstva.* 2015;3(7):107–112. (In Russ.)
5. Azari M.A., Dehnavi E., Yousef S., Shahmohamadi L.A. Polymorphism of Calpastatin, Calpain and Myostatin Genes in Native Dalagh Sheep in Iran. *Slovak Journal of Animal Science.* 2012;45(1):1–6.
6. Berry D.P., Conroy S., Pabiou T. et al. Animal Breeding Strategies Can Improve Meat Quality Attributes within Entire Populations. *Meat Sci.* 2017;132:6–18. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2017.04.019>
7. Hajhosseinlo A., Hashemi A., Razavi S., Pirany N. Association of the Polymorphism in the 5' Fanking Region of the Ovine IGF-I gene with Growth and Development Traits in Markui Sheep of Iran. *European Journal of Zoological Research.* 2013;2:19–24.
8. Montes D., Lenis C., Hernández D. Polymorphisms of the Calpain and Calpastatin Genes in Two Populations of Colombian Creole Sheep. *Rev. MVZ Cordoba.* 2015;24(1):7113–7118. <https://doi.org/10.21897/rmvz.1345>
9. Radhi A.H., Al-khauzai A.L.D., Al-Shuhaib M. Rapid PCRSSCP Screening of Awassi Sheep Using a Short Fragment (260bp) of Leptin Gene. *Translational Clinical Biology.* 2015;3(1):1–5. <https://doi.org/10.14259/tcb.v3i1.162>
10. Tellam R., Cockett N., Vuocolo T., Bidwell C. Genes Contributing to Genetic Variation of Muscling in Sheep. *Frontiers in Genetics.* 2012;3:1–14. <https://doi.org/10.3389/fgene.2012.00164>
11. Valencia C.P.L., Franco L.Á.Á. & Hernández Herrera D. 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. *Tropical Animal Health and Production.* 2022;54:80 <https://doi.org/10.1007/s11250-022-03086-x>

Сведения об авторах

Селионова Марина Ивановна, д-р биол. наук, профессор, заведующий кафедрой разведения, генетики и биотехнологии животных, Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева; 127559, Российская Федерация, г. Москва, ул. Тимирязевская, 49; e-mail: selionova@rgau-msha.ru; тел.: (499) 976–34–34

Юлдашбаев Юсупжан Артыкович, д-р с.-х. наук, профессор, академик РАН, профессор кафедры частной зоотехнии, Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева; 127559, Российская Федерация, г. Москва, ул. Тимирязевская, 49; e-mail: selionova@rgau-msha.ru; тел.: (499) 976–34–34

Гладких Марианна Юрьевна, канд. с.-х. наук, доцент кафедры разведения, генетики и биотехнологии животных, Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева; 127559, Российская Федерация, г. Москва, ул. Тимирязевская, 49; e-mail: Marianna.gladkikh@rgau-msha.ru; тел.: (499) 976–34–34

Салбак Олеговна Чылбак-оол, канд. биол. наук, доцент кафедры разведения, генетики и биотехнологии животных, Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева; 127559, Российская Федерация, г. Москва, ул. Тимирязевская, 49; e-mail: shylbakool@rgau-msha.ru; тел.: (499) 976–34–34

Information about the authors

Marina I. Selionova, DSc (Bio), Professor, Head of the Department of Animal Breeding, Genetics and Biotechnology, Russian State Agrarian University – Moscow Timiryazev Agricultural Academy (49 Timiryazevskaya St., Moscow, 127550, Russian Federation); phone: (499) 976–34–34; e-mail: selionova@rgau-msha.ru

Yusupzhan A. Yuldashbaev, DSc (Ag), Professor, Full Member of the Russian Academy of Sciences, Professor at the Department of Specific Animal Science, Russian State Agrarian University – Moscow Timiryazev Agricultural Academy (49 Timiryazevskaya St., Moscow, 127550, Russian Federation); phone: (499) 976–34–34; e-mail: yuldashbaev@rgau-msha.ru

Marianna Yu. Gladkikh, CSc (Ag), Associate Professor at the Department of Animal Breeding, Genetics and Biotechnology, Russian State Agrarian University – Moscow Timiryazev Agricultural Academy (49 Timiryazevskaya St., Moscow, 127550, Russian Federation); phone: (499) 976–34–34; e-mail: Marianna.gladkikh@rgau-msha.ru

Salbak O. Chylbak-ool, CSc (Bio), Associate Professor at the Department of Animal Breeding, Genetics and Biotechnology, Russian State Agrarian University – Moscow Timiryazev Agricultural Academy (49 Timiryazevskaya St., Moscow, 127550, Russian Federation); phone: (499) 976–34–34; e-mail: shylbakool@rgau-msha.ru