

ВЗАИМОСВЯЗЬ ПОЛИМОРФИЗМА ГЕНОВ *GH* И *LEP* С КАЧЕСТВЕННЫМИ ХАРАКТЕРИСТИКАМИ МЯСА ОВЕЦ

© 2025 г. А. В. Скокова¹, *, Л. Н. Скорых¹, А. В. Суховеева¹, Е. Ю. Сафарян¹, Н. И. Ефимова¹

¹Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр, Михайловск, 356241 Россия

*e-mail: antoninaskokova@mail.ru

Поступила в редакцию 18.07.2024 г.

После доработки 14.09.2024 г.

Принята к публикации 18.09.2024 г.

Проведено секвенирование ДНК овец породы советский меринос для выявления однонуклеотидного полиморфизма в генах *GH* и *LEP*, связанных с качественными показателями мяса. На основании проведенного анализа в нуклеотидной последовательности гена *GH* в экзоне 5 обнаружена миссенс-мутация c.321C>T, приводящая к замене аргинина на глицин; в гене *LEP* в экзоне 3 выявлена миссенс-мутация c.387G>T, результатом которой является замена аминокислоты валин на лейцин. Установлены частоты встречаемости аллелей и генотипов в обнаруженных вариантах полиморфизма c.321C>T гена *GH* и c.387G>T гена *LEP*. Выявлена взаимосвязь между качественным составом мышечной ткани у овец и их генотипическими вариантами по обоим исследуемым генам. Мышечная ткань гетерозиготного генотипа по мутантным аллелям c.321T гена *GH* и c.387T гена *LEP* содержала больше протеина на 3.3 и 2.4%, но меньше влаги на 3.3 и 2.4%, чем у овец гомозиготного генотипа по диким аллелям c.321C гена *GH* и c.387G гена *LEP*. Исследования длиннейшего мускула спины овец породы советский меринос позволили выявить большее количество мышечных волокон у носителей мутантных аллелей c.321T гена *GH* и c.387T гена *LEP* на 4.7 и 7.6%, но меньший диаметр мышечного волокна на 8.9 и 5.0% в сравнении с мышечными клетками овец, гомозиготных по диким аллелям c.321C гена *GH* и c.387G гена *LEP*. Общая оценка “мраморности” мышечной ткани у овец гетерозиготных генотипов по мутантным аллелям c.321T гена *GH* и c.387T гена *LEP* выше на 2.3 и 1.5 балла, чем у гомозигот по референсным аллелям c.321C гена *GH* и c.387G гена *LEP*. Полученные результаты позволяют рассматривать полиморфизм c.321C>T в гене *GH* и полиморфизм c.387G>T в гене *LEP* как генетические маркеры для оценки и улучшения качественных показателей мяса овец.

Ключевые слова: овцы, ДНК, ПЦР, генотипирование, секвенирование, полиморфизм, однонуклеотидные замены, продуктивность.

DOI: 10.31857/S0016675825020076 **EDN:** UVGWCM

Экономическая эффективность овцеводческих предприятий в целом зависит от продуктивных и репродуктивных показателей овец. В настоящее время наиболее важными задачами, стоящими перед овцеводством, являются повышение количества и качества мясной продуктивности, снижение затрат на потребляемые корма на единицу продукции, генетический мониторинг, контроль процесса селекции племенных животных и поиск новых применимых стратегий, повышающих экономическую прибыль отрасли [1, 2]. Селекция с использованием подходов молекулярной биологии и биотехнологии позволяет добиться более эффективных и точных результатов отбора. Следовательно, идентификация генов, влияющих на продуктивность овец, служит первым и наиболее важным

этапом в селекции с применением генетических маркеров [3].

Маркерная селекция является новым подходом для программ разведения животных, которые основаны на информации о маркерах в дополнение к любой доступной традиционной информации, а также в случае поздних признаков, проявляющихся в течение жизни животного или регулируемых несколькими генами [4]. Применение молекулярных маркеров обеспечивает метод отбора животных по широкому спектру признаков на любом этапе жизни и повышает предсказуемость зрелого фенотипа особи. В то же время определение полиморфизма генов имеет жизненно важное значение в разведении животных с целью идентификации генотипов и их корреляции с репродуктивными,

продуктивными и некоторыми хозяйственными признаками [5].

В результате развития молекулярной биологии представилась возможность определения генетических маркеров, тесно связанных со многими аспектами структуры ДНК, особенно с теми генами, которые оказывают существенное влияние на хозяйственно полезные признаки [6]. Ранее проведенным исследованием [7] идентифицированы гены, отвечающие за продуктивность животных, такие как ген гормона роста (GH) и лептина (LEP), которые предположительно можно считать маркерами высокой мясной продуктивности овец.

Гормон роста (GH) – это анаболический гормон, который в основном вырабатывается и высвобождается в передней доле гипофиза у широкого спектра позвоночных животных и необходим для контроля всех основных биологических функций организма млекопитающих. Ген *GH* является регулятором жирового и белкового обмена, способствует развитию органов и тканей, включая кости, мышцы и висцеральные органы [8]. Кроме того, авторы [9] отмечают, что различные полиморфные варианты гена *GH* влияют на качество туши мясного скота. Следовательно, генетический полиморфизм гена *GH* может играть ключевую роль в росте, созревании, лактации, репродуктивной функции и регуляции белкового, липидного и углеводного обменов у сельскохозяйственных животных, включая овец. Исследователи [10] показали, что разные варианты генотипов гена *GH* связаны со значительными улучшениями ряда репродуктивных, производственных и лактационных характеристик у овец породы авасси.

Ген лептина (*LEP*) связан с важными селекционируемыми признаками у животных. Ген лептина был обнаружен с помощью позиционного клонирования в 1994 г., состоит из трех экзонов и двух инtronов. Ген продуцирует лептин, белок из 167 аминокислот, который синтезируется жировой тканью и участвует в регуляции потребления корма, энергетического баланса, fertильности и иммунных функций. Результаты различных исследований показали, что лептин играет важную роль в регуляции роста, развития и эффективности переваривания корма [11]. Кроме того, он тесно коррелирует с массой тела и отложением жира у животных [7].

Исследования о вариабельности полиморфизмов генов *GH*, *LEP* и их взаимосвязи с различными показателями продуктивности проводились у крупного рогатого скота, но что касается овец, то имеется очень скучная информация.

Поэтому цель настоящего исследования – изучение качественных характеристик мясной продуктивности овец в зависимости от полиморфных вариантов генов *GH* и *LEP*.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Объектом исследования служили овцы породы советский меринос ($n = 30$), разводимые в СПК КПЗ им. Ленина Арзгирского района Ставропольского края.

Для проведения эксперимента у овец четырехмесячного возраста из яремной вены отбирали образцы крови в асептических условиях в закрытые системы забора крови S-Monovette® с антикоагулянтом ЭДТА (SARSTEDT, Германия). Лабораторные исследования проводили на базе ФКУЗ Ставропольский научно-исследовательский противочумный институт.

Выделение ДНК. Исследования проводили на основе ДНК, выделенной при помощи набора реагентов “ДНК сорб – В” (ИнтерЛабСервис, Россия).

Постановка ПЦР. Для постановки полимеразной цепной реакции использовали смесь реагентов производства “ИнтерЛабСервис”.

Подборка олигонуклеотидных праймеров для амплификации участков генов *GH*, *LEP* осуществлялась по данным литературных источников [12]. В качестве праймеров использовали синтетические олигонуклеотиды российского производителя ООО “Синтол” (г. Москва):

GH: F: 5'-GAAACCTCCTCGCCC-3';

R: 5'-CCAGGGTCTAGGAAGCCACA-3' – длина ампликона 365 пн;

LEP: F: 5'-AGGAAGCACCTCTACGCTC -3' ;

R: 5'-CTTCAAGGCTTCAGCACC -3' – длина ампликона 471 пн.

Амплификацию проводили на термоцикlerе планшетного типа “Bio-Rad” (США), используя следующие условия:

Ген *GH*. Денатурация 94°C, 5 мин – 1 цикл; отжиг: 95°C, 30 с – 35 циклов, 65°C, 30 с – 35 циклов, 72°C, 45 с – 35 циклов; элонгация 72°C, 5 мин – 1 цикл.

Ген *LEP*. Денатурация 94°C, 5 мин – 1 цикл; отжиг: 95°C, 30 с – 35 циклов, 59°C, 30 с – 35 циклов, 72°C, 30 с – 35 циклов; элонгация 72°C, 5 мин – 1 цикл.

Размер полученных ампликонов определяли методом горизонтального электрофореза в агарозном геле с помощью набора реагентов и ДНК маркера молекулярной массы (ИнтерЛабСервис). Очистку ПЦР-продуктов проводили с помощью набора реагентов AgencourtAMPure XP (BeckmanCoulterInc, США).

Секвенирование ДНК. Продукты ПЦР секвенировали по методу Сэнгера на генетическом анализаторе ABI PRISM 3500 Genetic Analyzer (США), с использованием набора реагентов BigDye™ Terminator v.3.1 Cycle Sequencing Kit в соответствии

с инструкцией производителя. Продукты реакции очищали преципитацией изопропиловым спиртом 75%. После секвенирования последовательности участков генов *GH* и *LEP* овец советский меринос были сопоставлены с эталонной последовательностью Ovisaries, сборка Oar_v.4.0 (GCA_000298735.2 – NCBI GenbankID) с помощью программного обеспечения GS Reference Mapper v.2.9 (RocheNimbleGen, США). Для описания обнаруженных SNP использовалась номенклатура HGVS (Human Genome Variation Society).

Мясная продуктивность. Гистологические исследования длиннейшей мышцы спины (количество мышечных волокон, диаметр мышечного волокна, общая оценка “мраморности”, содержание соединительной ткани) проводили согласно методическим указаниям [13]. Срезы для определения микроструктуры мышечных волокон (толщина 7–8 мкм) получали на замораживающем микротоме. Микрофотосъемку гистологических препаратов проводили с использованием фотокамеры CanonPowerShot A 460 IS при увеличении окуляра на $\times 10$ и объектива на $\times 4$, $\times 10$ и $\times 40$. Съемка микропрепарата осуществлялась с использованием цифровой камеры (видеоокуляра) Scopetek DCM510, предназначенный для микроскопа. При исследовании химического состава мяса (влага, белок, жир, зола) руководствовались методическими указаниями СНИИЖК [14].

Статистическая обработка. Генетико-статистический анализ проводили с помощью математических формул с применением компьютерной программы Excel (Microsoft Office 2010, США). Были рассчитаны показатели: частота встречаемости аллелей, частота встречаемости генотипов. Материалы исследований обрабатывали методом вариационной статистики по Стьюденту с помощью программы BIOSTAT в пределах уровней значимости: $p < 0.001$, $p < 0.05$.

РЕЗУЛЬТАТЫ

Результаты секвенирования анализируемых участков ДНК позволили идентифицировать два однонуклеотидных полиморфизма (ОНП)

Таблица 1. Частота встречаемости аллелей и генотипов генов *GH* и *LEP*

Наименование ОНП по номенклатуре NGVS	Ген	Аллели		Генотипы, %		
		<i>C</i>	<i>T</i>	<i>CC</i>	<i>CT</i>	<i>TT</i>
c.321C>T	<i>GH</i>	0.70	0.30	53.3	33.3	13.4
c.387G>T	<i>LEP</i>	0.86	0.14	73.3	26.7	–

в структуре генов *GH* и *LEP*: в гене *GH* – миссенс-мутацию (c.321C>T), расположенную на хромосоме 11 в экзоне 5 и приводящую к замене аргинина на глицин; в гене *LEP* на хромосоме 4 экзона 3 обнаружена миссенс-мутация c.387G>T, в результате которой происходит замена аминокислоты валина на лейцин.

Анализируя частоту встречаемости аллелей в обнаруженных единичных полиморфизмах, можно отметить редкую встречаемость мутантных аллелей как в структуре гена *GH*, так и *LEP*. Наибольшую частоту встречаемости имели аллели c.321C в гене *GH*, встречаемость мутантных аллелей c.321T составила 0.3. Животных с заменой c.321C>T выявлено 46.7% среди исследованного поголовья, при этом мутации встречаются в гомозиготном и гетерозиготном состояниях. У исследованных животных в полиморфизме c.321C>T гена *GH* было выявлено три генотипа *CC*, *CT* и *TT* с разной частотой встречаемости. Овцы гомозиготных генотипов по дикому аллелю (*CC*) встречались в 53.3% случаев, гетерозигот (*CT*) и гомозигот (*TT*) по мутантному аллелю выявлено 33.3 и 13.4% (табл. 1).

При рассмотрении структуры гена *LEP* установлено, что наиболее распространенным являлся референсный аллель c.387G, частота встречаемости мутантного аллеля c.387T оказалась довольно низкой и составила 0.14, при этом мутация обнаруживается только в гетерозиготном состоянии. Замена c.387G>T гена *LEP* выявлена у 26.7% животных. Генотипы в мутации c.387G>T распределились следующим образом: животных-носителей гомозиготного генотипа по референсному аллелю (*GG*) оказалось 73.3%, гетерозиготы по мутантному аллелю (*GT*) составили 26.7%, гомозиготы по мутантному аллелю (*TT*) в популяции не обнаружены.

В ходе сравнительной характеристики мясной продуктивности овец с учетом вариантов генотипов генов *GH* и *LEP* можно отметить, что особи гетерозиготных генотипов по мутантным аллелям отличались лучшими мясными качествами по сравнению с животными других генотипов. Результаты анализа химического состава мышечных клеток анализируемых овец указывают на различия в

содержании его компонентов, ассоциированные с генотипами генов *GH*, *LEP* (рис. 1).

Анализ химического состава мышечной ткани показал меньшее содержание влаги у овец, геном которых содержит мутантные аллели в гетерозиготном состоянии в генах *GH* и *LEP*, но большее количество сухого вещества в сравнении с гомозиготными генотипами по диким аллелям. Так, мышечная ткань овец генотипа *CT* гена *GH* содержала влаги на 3.3% меньше, чем у овец генотипа *CC*. Однако гетерозиготы по мутантному аллелю характеризовались большим содержанием протеина на 3.3% в отличие от особей гомозиготного генотипа.

Химический состав мышечной ткани овец в зависимости от генотипов гена *LEP* свидетельствует о меньшем содержании влаги в организме гетерозигот по мутантному аллелю на 2.4%, но большем содержании протеина на 2.4% в сравнении с гомозиготами по дикому аллелю при недостоверной разнице. Гистологические исследования длиннейшего мускула спины овец породы советский меринос позволили выявить различия по изучаемым параметрам в зависимости от генотипов генов *GH* и *LEP* (табл. 2).

Мышечная ткань ярочек – носителей мутантного аллеля в замене c.321C>T гена *GH* характеризовалась большим количеством мышечных волокон на 4.7% ($p < 0.05$), но меньшим их диаметром на 8.9% ($p > 0.05$) в сравнении с мышечными клетками овец, гомозиготных по дикому аллелю. В мышечной ткани овец гетерозиготного генотипа *CT* содержание соединительной ткани было меньше на 0.5%, чем у ярок генотипа *CC*. Изученные показатели качественного состава обусловили более высокую оценку “мраморности” мяса у овец гетерозиготного генотипа по мутантному аллелю на 2.3 балла в сравнении с гомозиготами по референсному аллелю.

В мышцах овец, несущих мутантные аллели в замене c.387G>T гена *LEP*, количество мышечных волокон больше на 7.6% ($p < 0.001$), напротив, диаметр мышечного волокна меньше на 5.0% ($p < 0.001$) по сравнению с мясом животных гомозиготного генотипа по дикому аллелю. Мышечная ткань гетерозиготных ярок *GT* содержала меньшее количество соединительной ткани на 0.5% по сравнению с генотипом *GG*. Общая оценка “мраморности” по результатам гистологического анализа

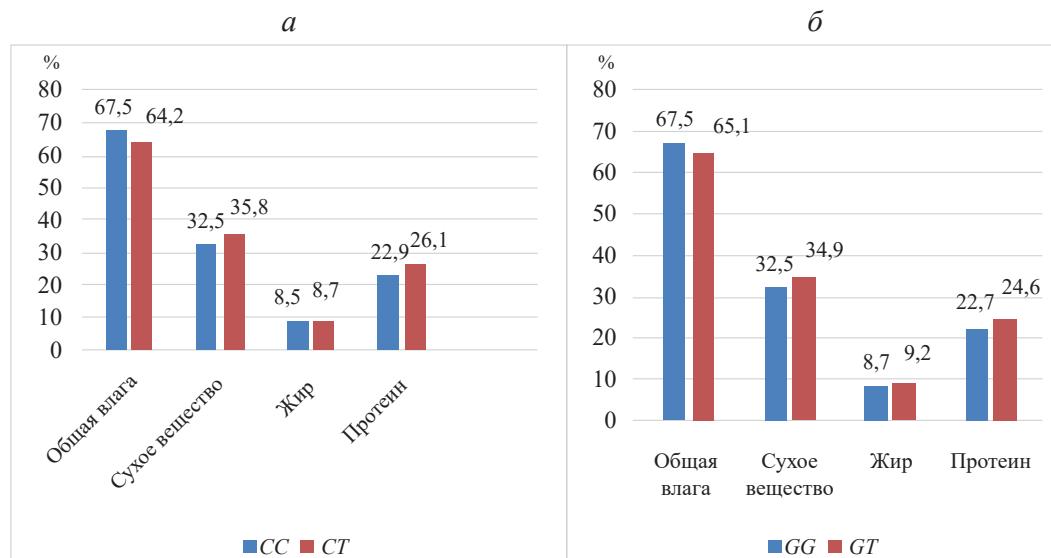


Рис. 1. Характеристика химического состава длиннейшей мышцы спины овец в зависимости от генотипов, %. *a* – ген *GH*, *б* – ген *LEP*.

Таблица 2. Микроструктура мышечной ткани *M* ± *m* овец различных генотипов генов *GH*, *LEP*

Показатели	<i>GH</i>		<i>LEP</i>	
	<i>CC</i>	<i>CT</i>	<i>GG</i>	<i>GT</i>
Количество мышечных волокон, шт.	386.6 ± 8.5	404.8 ± 13.9	383.3 ± 5.9	412.2 ± 5.8
Диаметр мышечного волокна, мкм	31.9 ± 0.40	29.30 ± 0.82	31.4 ± 0.74	29.9 ± 0.98
Общая оценка “мраморности”, балл	29.0 ± 0.42	31.30 ± 0.90	29.4 ± 0.43	30.9 ± 0.9
Содержание соединительной ткани, %	9.0 ± 0.15	8.5 ± 0.03	8.7 ± 0.12	8.2 ± 0.1

оказалась выше на 1.5 балла у овец гетерозиготного генотипа по мутантным аллелям в сравнении с гомозиготами по референсному аллелю.

ОБСУЖДЕНИЕ

Основная цель маркерной селекции – отбор животных с наиболее высокими характеристиками продуктивности и передача их последующему поколению. Если объединить структурный и функциональный геномные подходы, фенотипические различия между животными можно будет изучить с совершенно другой точки зрения, что возможно приведет к различиям в конечных продуктах. Поэтому идентификация генетических маркеров и генов-кандидатов, связанных с экономически важными признаками, очень ценна как с биологической, так и с практической точки зрения.

Хорошо известно, что гормон роста влияет на некоторые биологические процессы овец, такие как метаболизм, размножение, беременность, лактация и рост. Ген *GH* расположен на 11-й хромосоме в локусе гормона роста. Вставки и делеции или мутации в гене *GH* приводят к различиям в показателях роста. Ген *GH* играет решающую роль в регуляции развития животных [15]. Результатами настоящего исследования выявлено, что полиморфизм с.321C>T гена *GH* оказывал значительное влияние на химический состав и микроструктуру мышечной ткани овец. Содержание протеина, количество мышечных волокон было выше в мясе овец с мутантным аллелем с.321T гена *GH*. Это повлияло и на общую оценку “мраморности”, наибольшим количеством баллов характеризовалось мясо гетерозиготных овец по мутантному аллелю. Текущие результаты по полиморфизму гена *GH* аналогичны предыдущим, проведенным египетскими учеными, которые при анализе нуклеотидной последовательности амплифицированного фрагмента (365 пн) экзона 5 гена *GH* обнаружили одинонуклеотидный полиморфизм (*C/T*). Кроме того, исследователи выявили, что присутствие аллеля *T* в геноме египетских овец положительно сказалось на качественных характеристиках шерсти, таких как диаметр шерстного волокна и выход чистой шерсти [12].

Результаты исследований [16] показывают, что масса тела и показатели роста овец взаимосвязаны с аллельными вариантами гена *GH*, что может использоваться при составлении программ разведения. При изучении полиморфизма гена *GH* у овец сальской породы, выращиваемых в южном регионе Российской Федерации, установлена связь между мясной продуктивностью и аллельными вариантами гена *GH*, в процессе чего сделан вывод о положительном влиянии гетерозиготного генотипа по мутантному аллелю на мясные качества [17].

Аналогичные результаты получены при изучении структуры гена *GH*, в результате чего ученые пришли к выводу, что SNP rs400358099 регулирует особенности роста у ягнят породы тексель [18]; обнаружена значительная корреляция полиморфизма гена *GH* с особенностями роста тибетских овец и овец породы полл дорсет [19]; выявлено, что больший среднесуточный прирост от рождения до отъема имели овцы белуджи с гомозиготным генотипом по мутантному аллелю в гене *GH* [20]. Результаты исследований показали, что мутации в гене *GH* были связаны с признаками мясной продуктивности и параметрами роста мясных овец [21].

В настоящем исследовании SNP каждого из выбранных функциональных генов были связаны с параметрами мясной продуктивности овец породы советский меринос. Результаты секвенирования амплифицированного участка гена *LEP* позволили обнаружить замену с.387G>T, ассоцииированную с мясными качествами анализируемых животных.

Лептин выполняет регулирующую функцию в отношении массы тела овец, потребления корма, роста и метаболической активности, что в дальнейшем оказывает влияние на качественные характеристики мяса. *LEP* также считается одним из генов, влияющих на содержание жира в организме, передавая сигнал в гипоталамус, он устанавливает баланс между потреблением корма и расходом энергии. Благодаря своему липолитическому эффекту и регуляции жировых запасов аллельные варианты лептина взаимосвязаны с производством молока, что возможно в дальнейшем оказывает влияние на массу тела потомства [11].

В настоящем исследовании выявлено, что полиморфизм с.387G>T в гене *LEP* связан с характеристиками мясной продуктивности овец породы советский меринос. Длиннейшая мышца спины отличалась по химическому составу у овец разных генотипов гена *LEP*. Меньшим содержанием влаги характеризовались особи гетерозиготного генотипа по мутантному аллелю, но большим содержанием протеина по сравнению с гомозиготами по дикому аллелю. Мышечная ткань животных носителей мутантного аллеля с.387T обладала большим количеством мышечных волокон, чем мясо гомозигот с.387G. Диаметр мышечного волокна, количество соединительной ткани были меньше у животных с мутантным аллелем, в отличие от носителей дикого аллеля. Это может указывать на лучшие вкусовые характеристики мяса овец, содержащих в геноме мутантный аллель с.387T в гене *LEP*.

Результаты ассоциативного анализа [11] частоты встречаемости вариантов одинонуклеотидного полиморфизма с особенностями роста показали значимую связь rs420693815 в гене *LEP* с живой массой при отъеме и среднесуточным приростом египетских ягнят. Интересно, что rs420693815 также

оказывал значительное влияние на характеристики молока, включая надой и процент жира у овец породы барки. Обнаружена связь однонуклеотидных полиморфизмов в гене *LEP* с живой массой, массой при отъеме, массой туши при убое, процентом курдючного жира, толщиной мышц и метаболической активностью в мышцах у овец [22].

Полученные нами сведения о структуре генома овец породы советский меринос могут быть использованы при селекции на улучшение качественных показателей мясной продуктивности за счет использования нуклеотидных замен, обнаруженных в генах *GH* и *LEP*. Однако считаем необходимым проведение дальнейших исследований на большем поголовье овец для подтверждения взаимосвязи выявленного полиморфизма с мясными качествами.

На основании проведенного секвенирования и анализа нуклеотидной последовательности ДНК овец породы советский меринос идентифицирован один ОНП с.321C>T в гене *GH* и один ОНП с.387G>T в гене *LEP*, установлены частоты встречаемости аллелей и генотипов для каждого однонуклеотидного полиморфизма. Исследование показывает, что обнаруженные полиморфизмы с.321C>T в гене *GH* и с.387G>T в гене *LEP* значимо связаны с качественными характеристиками мясной продуктивности овец породы советский меринос. Химический состав мышечной ткани овец носителей мутантных аллелей рассматриваемых генов характеризовался большим количеством протеина и жира, но меньшим содержанием влаги; микроструктура мышечных клеток овец, в геноме которых присутствовали мутантные аллели генов *GH* и *LEP*, отличалась большим количеством мышечных волокон, но меньшим их диаметром и содержанием соединительной ткани по сравнению с животными, не имеющими этих аллелей. Следовательно, проведенная нами оценка химического и микроструктурного анализа позволяет предположить, что по качественным показателям (сочность, питательность, нежность) мясо овец носителей мутантных аллелей с.321T гена *GH* и с.387T гена *LEP* обладает лучшими вкусовыми характеристиками. Дальнейшие исследования по оценке и улучшению качественных показателей мяса овец анализируемой породы должны быть направлены на более подробное изучение выявленного полиморфизма, основываясь на большей выборке животных.

Работа выполнена при поддержке Минобрнауки РФ в рамках Государственного задания Федерального государственного бюджетного научного учреждения “Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр” FNNU-2022-0009.

Исследование одобрено Этическим комитетом ВНИИОК – филиала Федерального государственного бюджетного научного учреждения

“Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр”, дата – 15.07.2024 г., протокол № 7.

Все применимые международные, национальные и/или институциональные принципы ухода и использования животных были соблюдены.

Авторы заявляют, что у них нет конфликта интересов.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Войтюк М.М., Мачнева О.П. Современное состояние овцеводства в России // Эффективное животноводство. 2021. № 4(170). С. 102–105. <https://doi.org/10.24412/cl-33489-2021-4-102-105>.
2. Колосов Ю.А., Абонеев В.В. Повышение сохранности и скорости роста молодняка мериносовых овец // Изв. Кабардино-Балкарского гос. аграрного ун-та им. В.М. Кокова. 2023. № 3(41). С. 77–83.
3. Федулова Т.П., Хуссейн А.С., Налбандян А.А. Перспективная стратегия применения молекулярных маркеров в селекции *Beta vulgaris* L. (обзор) // Аграрный вестник Урала. 2023. №2 (231). С. 71–82.
4. Калашников А.Е., Голубков А.И., Труфанов В.Г. и др. Геномная селекция как основа племенной работы (обзор) // Вестник Красноярского гос. аграрного ун-та. 2021. № 7 (172). С. 163–170.
5. Саприкина Т.Ю., Криворучко А.Ю., Каниболова А.А. Новые генетические маркеры прижизненных параметров мясной продуктивности у овец породы джалгинский меринос // Инновационные достижения науки и техники АПК. 2023. С. 506–510.
6. Глазко В.И., Косовский Г.Ю., Глазко Т.Т., Федорова Л.М. ДНК маркеры и “микросателлитный код” (обзор) // С.-хоз. биология. 2023. Т. 58. № 2. С. 223–248.
7. Valencia C.P.L., Franco L.Á.Á., Herrera D.H. 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. V. 54. № 3. Р. 82. <https://doi.org/10.1007/s11250-022-03086-x>
8. Дубовская М.П., Герасимов Н.П. Генетическая структура и ассоциация полиморфизма генов гормона роста (L127v) и лептина (A80v) с продуктивностью в северо-кавказской популяции герефордской породы // Животноводство и кормопроизводство. 2020. Т. 103. № 3. С. 91–101.
9. Kiyici J.M., Akyüz B., Kaliber M. et al. Association of *GH*, *STAT5A*, *MYF5* gene polymorphisms with milk somatic cell count, EC and pH levels of Holstein dairy cattle // Animal Biotechnology. 2022. V. 33. № 3.

- P. 401–407.
<https://doi.org/10.1080/10495398.2020.1800483>
10. *El-Mansy S.A., Naiel M.A., El-Naser I.A.A. et al.* The growth hormone gene polymorphism and its relationship to performance and carcass features in Egyptian Awassi lambs // *Heliyon*. 2023. V. 9. № 3. P. e14194.
<https://dx.doi.org/10.54203/scil.2024.wvj19>
 11. *Darwish A.M., Abdelhafez M.A., Abdel-Hamid Z.G. et al.* Correlation analysis between polymorphism of leptin and *IGFI* genes and body measurements in Barki and Farafra sheep // *Beni-Suef Univ. J. Basic and Applied Sci.* 2023. V. 2. № 1. P. 119.
<https://doi.org/10.5897/AJB2015.14928>
 12. *Farag I.M., Darwish A.M., Darwish H.R. et al.* Polymorphism of growth hormone gene and its association with wool traits in Egyptian sheep breeds // *African J. Biotechnology*. 2016. V. 15. № 14. P. 549–556.
<https://doi.org/10.5897/AJB2015.14928>
 13. *Abousoliman I., Reyer H., Oster M. et al.* Analysis of candidate genes for growth and milk performance traits in the Egyptian Barki sheep // *Animals*. 2020. V. 10. № 2.
<https://doi.org/10.3390/ani10020197>
 14. *Дмитрик И.И., Завгородняя Г.В., Павлова М.И.* Способ гистологической оценки качественных показателей мясной продуктивности овец с учетом морфоструктуры тканей // Ставрополь: СНИИЖК, 2010. 16 с.
 15. *Абонеев В.В., Квитко Ю.Д., Селькин И.И.* Методика оценки мясной продуктивности овец // Метод. рекомендации для научных сотрудников, аспирантов, студентов и практических работников в области овцеводства. Ставрополь: СНИИЖК, 2009. 36 с.
 16. *Saleh A., Hammoud M., Dabour N. et al.* Genetic variability in *IGFBP-3* and *GH* genes and their association with body weight and growth performance at birth, weaning and six-month in sheep // *Research Square*. 2020.
<https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-86803/v1>
 17. *Gorlov I.F., Shirokova N.V., Slozhenkina M.I. et al.* Association of the growth hormone gene polymorphism with growth traits in Salsk sheep breed // *Small Ruminant Res.* 2017. V. 150. P. 11–14.
<https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2017.02.019>
 18. *Armstrong E., Ciappesoni G., Iriarte W. et al.* Novel genetic polymorphisms associated with carcass traits in grazing Texel sheep // *Meat Sci.* 2018. V. 145. P. 202–208.
<https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2018.06.014>
 19. *Jia J., Zhang L., Wu J. et al.* Study of the correlation between *GH* gene polymorphism and growth traits in sheep // *Genet. Mol. Res.* 2014. V. 13. P. 7190–7200.
<https://dx.doi.org/10.4238/2014.September.5.5>
 20. *Valeh M., Tahmoorespour M., Ansari M. et al.* Association of growth traits with sscp polymorphisms at the growth hormone receptor (*ghr*) and growth hormone releasing hormone receptor (*ghrhr*) genes in the baluchi sheep // *J. Anim. Vet. Adv.* 2012. V. 8. P. 1063–1069.
 21. *Wu M., Zhao H., Tang X. et al.* Novel InDels of *GHR*, *GHRH*, *GHRHR* and their association with growth traits in seven Chinese sheep breeds // *Animals*. 2020. V. 10. № 10.
<https://doi.org/10.3390/ani10101883>
 22. *Hajihosseini A., Hashemi A., Sadeghi S.* Association between polymorphism in exon 3 of leptin gene and growth traits in the Makooei sheep of Iran // *Livestock Res. for Rural Development*. 2012. V. 24. № 9. P. 543–546.

The Relationship of *GH* and *LEP* Genes Polymorphism with the Qualitative Characteristics of Sheep Meat

A. V. Skokova^{1,*}, L. N. Skorykh¹, A. V. Sukhoveeva¹, E. Yu. Safaryan¹, N. I. Efimova¹

¹North Caucasus Federal Agrarian Research Centre, p. Mikhailovsk, 356241 Russia

*e-mail: antoninaskokova@mail.ru

DNA sequencing of Soviet Merino sheep was performed to identify single nucleotide polymorphisms (ONP) in the *GH* and *LEP* genes associated with meat quality indicators. Based on the analysis, a missense mutation C.321C>T was found in the structure of the *GH* gene in exon 5, leading to the replacement of arginine with glycine; in the *LEP* gene in exon 3, a missense mutation C.387G>T was detected, which results in the replacement of the amino acid valine with leucine. The frequency of occurrence of alleles and genotypes in the detected single polymorphisms has been established. 321C>T of the *GH* gene and C.387G>T of the *LEP* gene. The relationship between the qualitative composition of muscle tissue in sheep and their genotypic variants for both studied genes has been revealed. The muscle tissue of the heterozygous genotype according to the mutant alleles C.321T of the *GH* gene and C.387>T of the *LEP* gene contained more protein by 3.3 and 2.4 abs.%, but less moisture by 3.3 and 2.4 abs.% than in sheep of the homozygous genotype according to the wild alleles C.321C of the *GH* gene and C.387G of the *LEP* gene. Studies of the longest back muscle of Soviet Merino sheep revealed a greater number of muscle fibers in carriers of mutant alleles C.321T of the *GH* gene and C.387>T of the *LEP* gene by 4.7 and 7.6%, but a smaller diameter of the muscle fiber by 8.9 and 5.0%, compared with muscle cells of sheep homozygous for wild alleles C.321C of the *GH* gene and C.387G of the *LEP* gene. The overall assessment of the "marbling" of muscle tissue in sheep of heterozygous genotypes for the mutant alleles C.321T of the *GH* gene and C.387>T of the *LEP* gene is 2.3 and 1.5 points higher than in homozygotes for the reference alleles C.321C of the *GH* gene and C.387G of the *LEP* gene. The results obtained allow us to consider the polymorphisms C.321C>T in the *GH* gene and C.387G>T in the *LEP* gene as genetic markers for evaluating and improving the quality of sheep meat.

Keywords: sheep, DNA, PCR, genotyping, sequencing, polymorphism, single nucleotide substitutions, productivity.