

УДК 636.5:636.082:577.2

DOI 10.18286/1816-4501-2023-3-161-167

ПОЛИМОРФИЗМ ГЕНА МИОСТАТИНА КАК МАРКЕР МЯСНОЙ ПРОДУКТИВНОСТИ КУР РАЗНЫХ ГЕНОТИПОВ

Ветех Анастасия Николаевна, научный сотрудник лаборатории клеточной инженерии

Ильина Эльмира Рефкатъевна, младший научный сотрудник лаборатории клеточной инженерии

Джагаев Алан Юрьевич, младший научный сотрудник лаборатории клеточной инженерии, аспирант

Волкова Наталья Александровна, доктор биологических наук, профессор РАН, руководитель лаборатории клеточной инженерии

ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста

142132, Московская область, Городской округ Подольск, поселок Дубровицы, дом 60, +79055536421, anastezuya@mail.ru

Ключевые слова: миостатин, SNP, мясная продуктивность, весовые промеры, куры

В данной статье рассматривается роль однонуклеотидной замены в гене миостатина, а также возможность ее использования в качестве маркера мясной продуктивности кур разных генотипов. В ходе работы было проанализировано 144 особи кур, у которых была определена частота встречаемости трех генотипов: TT, TG и GG по однонуклеотидной замене T4842G в гене миостатина (MSTN) методом ПЦР-ПДРФ. Животные гомозиготы, соответствующие генотипу TT, не имеющие мутаций, обладали частотой встречаемостью 81,25 %, за ними следовали генотип TG (12,5 %) и GG (6,25 %). Куры с генотипом GG имели большие весовые показатели по сравнению с другими генотипами. Живая масса у цыплят мясного направления продуктивности с генотипом GG за 39 суток увеличилась в 49,03 раза, в то время, как с генотипом TT в 44,28, а кур с генотипом TG в 43,86 раза. Особи гомозиготные по G аллелю превосходили своих гомозиготных по T аллелю и гетерозиготных аналогов при уровне значимости от $1,3 \times 10^{-5}$ до $4,9 \times 10^{-7}$, а коэффициент детерминации между группами варьировал от 19,8 % до 24,8 %. Дисперсионный анализ показал достоверную разность генотипа GG в убойной массе, массе тушки с органами и без, массе грудки и массе окорочков, массе мышечных внутренних органов: желудка и сердца, в сравнении с другими генотипами. Полученные результаты подтверждают перспективность использования генотипирования в селекции для увеличения прибыли от производства птицы.

Работа выполнена при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования РФ, №0445-2021-0005

Введение

Генетические исследования являются одним из наиболее эффективных способов повышения продуктивности животных, в том числе и кур. Для получения высокой мясной продуктивности необходимо учитывать множество факторов, таких как генетика и условия содержания. Генетические маркеры — это участки ДНК, которые можно использовать для идентификации конкретных генетических характеристик или свойств, а также для изучения связи между генотипом и фенотипом в популяции. [1, 2] Одним из ключевых генов, влияющих на мясную про-

дуктивность кур, является ген миостатина. Этот ген кодирует белок, который регулирует рост мышечной ткани, и его вариации могут влиять на продуктивность кур. [3] В данной статье мы рассмотрим роль SNP в гене миостатина как маркера мясной продуктивности кур разных генотипов, а также оценим возможность его применения как инструмента селекции.

Материалы и методы исследований

Объектами исследований были мясные куры экспериментального скрещивания ($n=144$), выведенные в инкубатории ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им Л К Эрнста. На крылья цыплят в суточном воз-

расте были закреплены номерные пластинки с целью присвоения индивидуального номера для проведения эксперимента. До убоя опытной птицы проводились исследования мясных качеств у бройлеров. Динамика живой массы для последующего расчета среднесуточного и относительного прироста живой массы, убойного выхода, была изучена путем ежедневного взвешивания на электронных весах перед кормлением птицы. Для определения мясной продуктивности были проанализированы данные по массе потрошенной тушки без кожи, составные части тушек: грудки и окорочка. Были взвешены и товарные внутренние органы: печень, сердце, мышечный желудок, масса жировых отложений [3]. В качестве биологического материала для выделения ДНК и генетических исследований были использованы образцы пульпы и мышечной ткани, полученные от опытной птицы при убое. Полногеномную ДНК выделяли с использованием коммерческого набора «ДНК-Экстран-2» согласно рекомендациям производителя. У выделенной ДНК проверяли качество и концентрацию. На гель-электрофорезе отбирали пробы, содержащие полногеномную ДНК, с наименьшим количеством шмеров. У отобранных после гель-электрофореза проб ДНК смотрели чистоту на спектрофотометре NanoPhotometer N60 по оптической плотности раствора при измерении A260/280, а также измеряли концентрацию для дальнейшего проведения полимеразной цепной реакции. На основании литературных данных, была выбрана точечная мутация T4842G, изученная на индонезийских курах [4]. Для изучения этой мутации на локальных курах были подобраны праймеры с использованием данных геномного секвенирования, хранящихся в базе данных GenBank. Для подобранных праймеров с использованием функции градиент в амплификаторе была подобрана оптимальная температура отжига. Наличие полиморфизма определяли с использованием метода длин рестрикционных фрагментов (ПЦР-ПДРФ). Эндонуклеаза рестрикции была подобрана по базе NCBI [5]. Анализ генетического разнообразия внутри изучаемой популяции проводили также методом гель-электрофореза с использованием маркера длин рестрикционных фрагментов Step50 plus. Формирование базы данных по полученным линейным промерам, формирование групп животных по генотипам и статистический анализ полученных данных осуществляли в Microsoft Excel 2016 с использованием методов вариационной статистики.

Результаты исследований

В данной статье приведены данные исследования, направленного на изучение влияния SNP в положении T4842G на мясную продуктивность у кур разных генотипов. Для этого использовали метод ПЦР-ПДРФ для определения наличия определенных аллелей у кур мясного типа. У ДНК, выделенной для генотипирования, качество и чистота образцов проверялась по соотношению A260/A280 и была в пределах нормы, составляя от 1,743 до 1,877, а концентрация варьировала от 27,3 до 1051,1 нг/мкл. Для генотипирования кур по точечной мутации в гене MSTN были использованы праймеры, после работы которых были получены ампликоны размером 213 пар оснований. В подобранном режиме ПЦР для повышения качества и специфичности реакции температура отжига составляла 62 °С. Полученные амплифицированные фрагменты гена обрабатывали эндонуклеазами рестрикции. Нами была подобрана и использована рестриктаза BSE1 I (Сибэнзим) с последовательностью -ACTGGN↑ - TGAC↓CN-, которая была добавлена в пробирки с амплифицированными фрагментами в количестве 1 единицы активности на пробу, а затем смесь инкубировали в течение трех часов при температуре 65 °С. Так как рестриктаза побдиралась под геном, зафиксированный в базе, то можно сказать, что особи, чья ДНК после действия эндонуклеазы распадалась на 2 фрагмента с длинами 157 и 67 пар оснований соответствовали генотипу ТТ, являлись гомозиготами и не имели мутации в своем геноме. Если разрезание амплифицированного фрагмента не происходило, а оставался один фрагмент размером 224 пар оснований животные были гомозиготы и содержали SNP в обеих цепочках, в результате чего соответствовали генотипу GG. При условии, что на дорожке были различимы три фрагмента с длинами 224, 157 и 67, можно сказать, что геном этих кур был гетерозиготен по данной мутации, в связи с чем генотип особей мог именоваться как TG (рис. 1).

На основании ПЦР-ПДРФ для дальнейшего анализа распределение по генотипам было следующее: 9 голов составило генотип GG, 18 голов соответствовало TG, а 117 – ТТ.

Живая масса у цыплят мясного направления продуктивности с генотипом GG за 39 дней увеличилась в 49,03 раза, в то время, как у ТТ в 44,28, а у TG в 43,86 раза. Как видно из графика (рис. 2), разность между показателями массы в разном возрасте не была однородна.

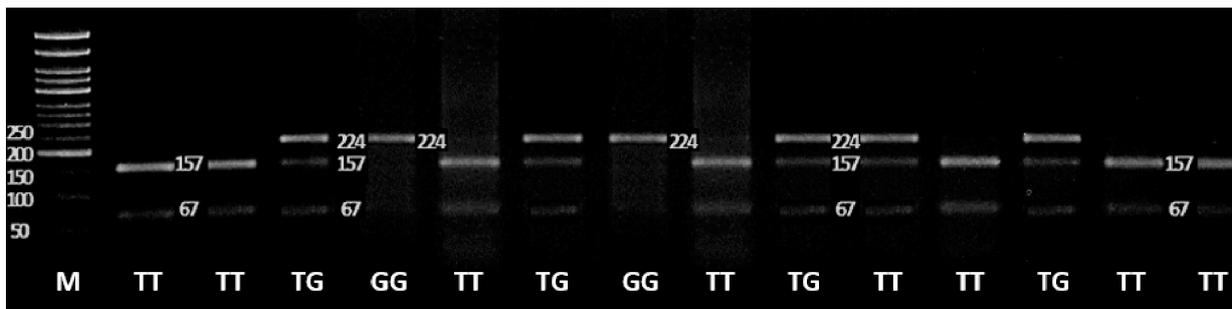


Рис. 1 - Электрофореграмма амплифицированных фрагментов гена миостатина после воздействия эндонуклеазы рестрикции BSE1 I

M – маркер ДНК Step50 plus, TT, TG, GG – визуализация генотипов на дорожках геля

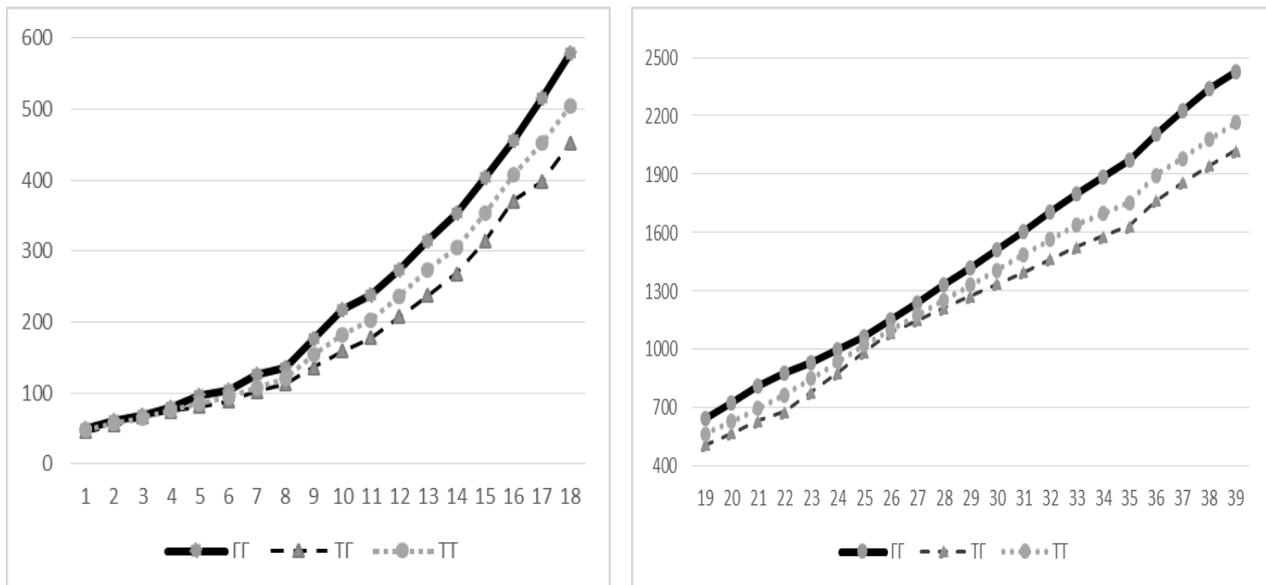


Рис. 2 - Динамика роста кур мясного направления продуктивности с учетом генотипа.

А) возраст от 1 дня до 18 дней; Б) возраст от 19 до 39 дней.

В первую неделю не было достоверных различий по массе, а также с 26 по 28 день развития. Коэффициент детерминации (h^2) не превышал 2,76%. При этом с 10-го дня по 23-й, а также с 30-го по 39-й день развития особи, гомозиготные по G аллелю, превосходили своих гомозиготных (по T аллелю) и гетерозиготных аналогов при уровне значимости (p) от $1,3 \times 10^{-5}$ до $4,9 \times 10^{-7}$, а коэффициент детерминации между группами варьировал от 19,8% до 24,8%. При этом достоверная разница между генотипами TG и GG отсутствовала ($FTG-TT=0,02 < F=5,24$). Живая масса на 39-й день составляла у особей с генотипом GG $2424,44 \pm 49,19$, в то время, как у животных с генотипом TT и TG были $2164,72 \pm 19,74$ и $2022,78 \pm 59,67$ соответственно. Интенсивность роста у особей всех генотипов была без существенных различий и составляла 189-192%.

После убоя птицы и удаления пера были сняты линейные промеры, весовые показатели тушки с органами и без, произведена разделка

тушки с последующим взвешиванием составных частей и внутренних органов, относящихся к субпродуктам. Убойный выход полупотрошенной и потрошенной тушки, которые представляют собой процентные соотношения между массой тушки без жкт/без внутренних органов и массой тушки вместе с органами, показывает, какую часть туши в процентном выражении можно использовать для приготовления пищи. Чем выше убойный выход, тем лучше качество мяса и выше его стоимость на рынке (табл. 1).

Дисперсионный анализ показал достоверную разницу генотипа GG в убойной массе, массе тушки с органами и без в сравнении с другими генотипами, а именно, что данные особи превосходят своих аналогов на 200–300 граммов. Коэффициент детерминации составил 0.253, 0.266 и 0.246 соответственно перечисленным показателям.

Несмотря на то, что животные гомозиготные по аллелю G имеют более высокий потен-

Таблица 1

Влияние полиморфизма MSTN/BSE I на убойные показатели тушек (X±SEM)

Показатель	Генотип		
	ТТ	TG	GG
Кол-во животных, гол.	117	18	9
Убойная масса, г	2100,05±19,19	1962,09±57,81	2351,71±47,72
Масса тушки с органами, г	1560,89±15,63	1438,33±47,84	1820,00±15,81
Масса тушки без органов, г	1279,94±15,52	1165,56±39,17	1499,44±25,47
Убойный выход полупотрошенной тушки	74,29±0,21	73,18±0,29	77,54±0,89
Убойный выход потрошенной тушки	60,82±0,31	59,29±0,24	63,79±0,21
Масса внутреннего жира, г	18,68±0,57	16,72±1,19	19,11±5,66

Таблица 2

Влияние полиморфизма MSTN/BSE I на составные части тушек (X±SEM)

Показатель	Генотип		
	ТТ	TG	GG
Кол-во животных, гол.	117	18	9
Грудка, г	486,61±6,60	414,83±14,53	604,50±0,50
Крылья, г	116,33±2,25	104,75±3,21	124,11±0,35
Окорока, г	370,17±4,63	338,17±12,08	427,22±5,62
pH в грудной мышце после убоя	6,10±0,09	6,09±0,07	6,11±0,04

Таблица 3

Влияние полиморфизма MSTN/BSE I на субпродукты кур (X±SEM)

Показатель	Генотип		
	ТТ	TG	GG
Кол-во животных, гол.	117	18	9
сердце, г	12,54±0,20	11,94±0,43	15,39±0,19
желудок, г	42,11±0,82	35,39±1,88	62,78±2,46
печень, г	52,65±0,86	51,83±1,56	60,89±0,28

циал для набора веса и роста, убойный выход и масса внутреннего жира у них отличается незначительно и не превышает 4,5%. Масса внутреннего жира во всех группах не превышает 1% от убойной массы. Такие результаты статистического анализа выхода тушек говорят о том, что производству выгодно получать больше животных с генотипом, в котором произошли нуклеотидные замены с обеих сторон цепи ДНК, а для конечного потребителя убойные показатели не имеют достаточного значения.

Сравнение массы составных частей тушки у разных генотипов может помочь определить, за счет какой части отруба идет увеличение весовых параметров. Наиболее интересные для потребителя составные части — это грудка, крылья и окорока. (табл. 2).

Масса отрубных частей кур, таких как грудь и окорока в группе с выявленным генотипом GG была существенно выше, чем в других опытных группах, а именно превышала на 31,5% и 20,8% особей гетерозигот TG и на 19,5% и 12,6% гомозигот ТТ соответственно. Коэффициент де-

терминации по массе грудки составил 20,25 при $p=0.03$, а по массе окороков составил 34,8% при $p=0.001$. Качественным показателем грудки также является и pH. По показателю кислотности мяса существенных различий не наблюдалось, сам показатель соответствовал установленным ГОСТом нормативам.

Знание влияния генотипа на массу субпродуктов может помочь в разработке более эффективных методов кормления и содержания кур, что в свою очередь может привести к увеличению производства субпродуктов. Например, селекция кур с высоким содержанием белка в субпродуктах может помочь снизить риск заболеваний, связанных с недостатком белка в рационе. В целом знание влияния генотипа на массу субпродуктов имеет большое значение для птицеводства и может привести к повышению качества продукции и улучшению условий содержания кур (табл. 3).

Масса сердца, а соответственно масса сердечной мышцы у бройлеров, в которых был выявлен полиморфизм в двух аллелях, была до-

стоверно выше на 23,6 %, чем у кур-гетерозигот по Т аллелю, и на 18,3 % больше, чем у особей без мутации ($h^2=18,6$ %, $p=0.04$). Масса мышечного желудка также была достоверно больше в 1,46, по сравнению с курами-гомозиготами по Т аллелю, и в 1,74 раза больше, чем у кроссов с мутацией только в одном аллеле ($h^2=33,2$ %, $p=0.002$). Несмотря на то, что масса печени была в среднем больше на 8 граммов больше у кур с генотипом GG при $p=0.15$, достоверность этой разности не была подтверждена.

Обсуждение

Миостатин - это один из наиболее изучаемых белков в настоящее время [6]. Полиморфизм гена миостатина является одним из главных в формировании продуктивных качеств и напрямую влияющий на скелетные мышцы у животных. Также этот ген достаточно полиморфен, а на разных участках гена выявлены одиночные нуклеотидные замены и мутации [7]. Существует множество исследований, которые анализируют связь между полиморфизмом гена миостатина и набором веса, мышечной массой, линейными промерами, силой, выносливостью и способностью к адаптации, физической нагрузке, в которых также учитывается влияние генотипа на биофизические факторы [8-12]. Кроме того, мутации в гене миостатина могут быть использованы для улучшения качества мяса, повысить его мраморность, а также повлиять на вкус [7]. При этом изменения в миостатине могут являться негативным регулятором роста и развития мышц, а экспрессируется почти исключительно в зрелых скелетных мышцах [13].

В нашем исследовании были замечены высокие показатели роста у одного из генотипов с мутациями в двух аллелях. Можно предположить, что в этой мутации содержатся аллели, которые влияют на синтез белков в мышцах или на метаболизм питательных веществ [14, 15]. Таким образом, использование генетических маркеров, в частности, исследованного в этой работе, при селекции кур обеспечивает возможность улучшения качества мяса с учетом пожеланий потребителя, а проводить отбор животных по требуемым качествам можно, оценивая их потенциал при жизни [16, 17]. Однако важно учитывать и другие факторы, такие как условия содержания и кормления кур, которые также могут влиять на их продуктивность и качество мяса [18-20]. Дальнейшие исследования в данной области могут быть направлены на изучение взаимосвязи между генотипом миостатина и мясной продуктивностью птиц по другим факторам, а

также на разработку методов улучшения этой взаимосвязи.

Заключение

На основании проведенного исследования и всего вышеизложенного можно сказать, что существует корреляция между генотипом по MSTN/BSE1 I и продуктивными качествами птицы, а именно для генотипа GG были характерны наибольшая скорость роста и набора мышечной массы, что отражалось в массе отдельных составных частей. Гетерозиготные особи уступали цыплятам других генотипов по параметрам мясной продуктивности. Данное исследование демонстрирует, что аллель гена миостатина GG связан с более высокой продуктивностью кур, что может иметь практическое значение для селекционной работы и повышения качества мяса птицы. Дальнейшие исследования помогут понять механизмы этого явления и найти способы его использования в животноводстве.

Библиографический список

1. Современные методы генетического контроля селекционных процессов и сертификация племенного материала в животноводстве / Н.А. Зиновьева, П.М. Кленовицкий, Е.А. Гладырь, А.А. Никишов. – Москва, РУДН. – 2008. 206 с.
2. Popova J, Bets V, Kozhevnikova E. Perspectives in Genome-Editing / J. Popova, V. Bets V, E. Kozhevnikova // Techniques for Livestock. Animals (Basel). – 2023 – V. 13(16) – e.2580.
3. Polymorphism of the T4842G myostatin gene is associated with carcass characteristics in Indonesian chickens / I. Khaerunnisa, M. Pramujo, I.I. Arief, C. Budiman, A. Gunawan, J. Sumantri, C. Sumantri C. // International Journal of Poultry Science. 2016. №15. 316-324. DOI: 10.3923/ijps.2016.316.324
4. Growth and carcass characteristics of different crosses of broiler chickens reared under an alternative system / F. Loures Cruz, L. Saraiva, G. Silva, T. Nogueira, A. Silva, P. Faria // Semina: Ciências Agrárias. 2018. 39(1). 317. DOI: 10.5433/1679-0359.2018v39n1p317
5. Интернет-ресурс <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/373964>.
6. Кукес, В. Г. Современное представление о биологической роли и клиническом значении миостатина-главного регулятора роста и дифференцировки мышц В.Г. Кукес // Медицинский вестник Северного Кавказа. – 2021. – Т. 16. – №. 3. – С. 327-332.
7. Глазко, Т. Т. ДНК-технологии для повышения мясной продуктивности / Т.Т. Глазко //

Известия Тимирязевской сельскохозяйственной академии. – 2008. – №. 1. – С. 75-80.

8. Аксенов, М. О. Метаанализ ассоциации полиморфизма гена MSTN rS1805086 с силовыми показателями спортсменов / М.О. Аксенов // Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture. – 2021. – Т. 13. – №. 2. – С. 303-335.

9. Боронникова, С. В. Генетический полиморфизм спортсменов с разным спортивным стажем / С.В. Боронникова // Экология человека. – 2019. – №. 8. – С. 50-57.

10. Tang, Q. Gene expression profile of IGF1 and MSTN mRNA and their correlation with carcass traits in different breeds of geese at 70 d of age / Q. Tang // British poultry science. – 2014. – Т. 55. – №. 1. – С. 76-80.

11. Kim, D. H. Effects of a myostatin mutation in Japanese quail (*Coturnix japonica*) on the physicochemical and histochemical characteristics of the pectoralis major muscle / D. H. Kim // Frontiers in Physiology. – 2023. – Т. 14. – С. 538.

12. Дементьева, Н. В. Скорость роста и продуктивность бройлерного кросса кур с разными полиморфными типами гена миостатина / Н.В. Дементьева // Вавиловский журнал генетики и селекции. – 2016. – Т. 20. – №. 1. – С. 39-43

13. Kim, G. D. Generation of myostatin-knockout chickens mediated by D10A-Cas9 nickase / G. D. Kim, et al. // FASEB - 2020. - J. 34. – P. 5688–5696

14. Lee, B. Research Note: Comparison of histochemical characteristics, chicken meat quality, and heat shock protein expressions between PSE-like condition and white-stripping features of pectoralis major muscle / B. Lee, Y.M. Choi // Poultry Science – 2021 – V.100 – e.101260.

15. Baati, N. Myostatin deficiency is associated with lipidomic abnormalities in skeletal muscles / N. Baati // BBA Molecular and Cell Biology of Lipids – 2017 – V. 1862 – P. 1044–1055.

16. Lee, J. The effects of myostatin mutation on the tibia bone quality in female Japanese quail before and after sexual maturation / J. Lee, et al // Poultry Science – 2023. – V.102 №. 7 – P. 102734

17. Fu, Y. Effects of rearing systems on the eggshell quality, bone parameters and expression of genes related to bone remodeling in aged laying hens / Y. Fu, et.al. // Frontier Physiology. – 2022 – V.13 – e962330.

18. Cui, Y. M. Effect of photoperiod on growth performance and quality characteristics of tibia and femur in layer ducks during the pullet phase / Y. M. Cui, // Poultry Science – 2019. – V. 98 – P. 1190–1201.

19. Research Note: Improved feed efficiency in quail with targeted genome editing in the myostatin gene / J. Lee J, D. H. Kim, A.M. Brower, I. Schlachter, K. Lee // Poultry Science – 2021. – V.100 (8) – e.101257

20. Bessei, W. Impact of animal welfare on worldwide poultry production / W. Bessei // World's. Poultry Science – 2019. - J.74 – P. 211–224.

POLYMORPHISM OF MYOSTATIN GENE AS A MARKER OF MEAT PRODUCTIVITY OF CHICKENS OF DIFFERENT GENOTYPES

Vetokh A.N., Ilyina E.R., Dzhagaev A.Yu., Volkova N.A.

“Federal Research Center of Animal Husbandry - VIZH named after Academician L.K. Ernst”

142132, Moscow region, Podolsk urban district, Dubrovitsy village, building 60, +79055536421, anastezuya@mail.ru

Key words: myostatin, SNP, meat productivity, weight measurements, chickens

This article discusses the role of a single nucleotide substitution in myostatin gene, as well as the possibility of its usage as a marker of meat productivity in chickens of different genotypes. During the work, 144 individual chickens were analyzed, the frequency of occurrence of three genotypes was determined: TT, TG and GG by T4842G single nucleotide substitution in the myostatin gene (MSTN) using the PCR-RFLP method. Homozygous animals corresponding to the TT genotype without mutations had a frequency of occurrence of 81.25%, followed by the TG (12.5%) and GG (6.25%) genotypes. Chickens with the GG genotype had higher weights compared to other genotypes. The live weight of meat production chickens with the GG genotype increased by 49.03 times in 39 days, while with the TT genotype it increased by 44.28 times, and with the TG genotype by 43.86 times. Individuals homozygous for the G allele were superior to their homozygous for the T allele and heterozygous counterparts at a significance level from 1.3×10^{-5} to 4.9×10^{-7} , and the coefficient of determination between groups varied from 19.8% to 24.8%. Analysis of variance showed a significant difference in the GG genotype in slaughter weight, carcass weight with and without organs, breast weight and leg weight, weight of muscular internal organs: stomach and heart, in comparison with other genotypes. The obtained results confirm the prospects of using genotyping in breeding to increase profits from poultry production.

Bibliography:

1. Modern methods of genetic control of selection processes and certification of breeding material in animal husbandry / N.A. Zinovieva, P.M. Klenovitsky, E.A. Gladyr, A.A. Nikishov. – Moscow, People's Friendship University. – 2008. 206 p.
2. Popova J, Bets V, Kozhevnikova E. Perspectives in Genome-Editing / J. Popova, V. Bets V, E. Kozhevnikova // Techniques for Livestock. Animals (Basel). – 2023 – V. 13(16) – e.2580.
3. Polymorphism of the T4842G myostatin gene is associated with carcass characteristics in Indonesian chickens / I. Khaerunnisa, M. Pramujio, I.I. Arief, C. Budiman, A. Gunawan, J. Sumantri, C. Sumantri C. // International Journal of Poultry Science. 2016. № 15. 316-324. DOI: 10.3923/ijps.2016.316.324
4. Growth and carcass characteristics of different crosses of broiler chickens reared under an alternative system / F. Loures Cruz, L. Saraiva, G. Silva, T. Nogueira, A. Silva, P. Faria // Semina: Ciências Agrárias. 2018. 39(1). 317. DOI: 10.5433/1679-0359.2018v39n1p317
5. Internet resource <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/373964>.
6. Kukes, V.G. Modern understanding of the biological role and clinical significance of myostatin, the main regulator of muscle growth and differentiation

- / V.G. Kukes // *Medical Vestnik of the North Caucasus*. – 2021. – V. 16. – № 3. – P. 327-332.
7. Glazko, T.T. DNA technologies for meat productivity increase / T.T. Glazko // *Izvestiya of Timiryazev Agricultural Academy*. – 2008. – № 1. – P. 75-80.
 8. Aksenov M. O. Meta-analysis of the association of polymorphism of MSTN rs1805086 gene with the strength parameters of athletes / M.O. Aksenov // *Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture*. – 2021. – V. 13. – № 2. – P. 303-335.
 9. Boronnikova, S.V. Genetic polymorphism of athletes with different sports experience / S.V. Boronnikova // *Human Ecology*. – 2019. – № 8. – P. 50-57.
 10. Tang, Q. Gene expression profile of IGF1 and MSTN mRNA and their correlation with carcass traits in different breeds of geese at 70 d of age / Q. Tang // *British poultry science*. – 2014. – V. 55. – № 1. – P. 76-80.
 11. Kim, D. H.. Effects of a myostatin mutation in Japanese quail (*Coturnix japonica*) on the physicochemical and histochemical characteristics of the pectoralis major muscle / D. H. Kim // *Frontiers in Physiology*. – 2023. – V. 14. – P. 538.
 12. Dementieva, N.V. Growth rate and productivity of broiler crosses of chickens with different polymorphic types of myostatin gene / N.V. Dementieva // *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. – 2016. – V. 20. – № 1. – P. 39-43
 13. Kim, G. D. Generation of myostatin-knockout chickens mediated by D10A-Cas9 nickase / . G. D. Kim, et al. // *FASEB* - 2020. - J. 34. – P. 5688–5696
 14. Lee, B. Research Note: Comparison of histochemical characteristics, chicken meat quality, and heat shock protein expressions between PSE-like condition and white-stripping features of pectoralis major muscle / B. Lee, Y.M. Choi // *Poultry Science* – 2021 – V.100 – e.101260.
 15. Baati, N. Myostatin deficiency is associated with lipidomic abnormalities in skeletal muscles / N. Baati // *BBA Molecular and Cell Biology of Lipids* – 2017 – V. 1862 – P. 1044–1055.
 16. Lee, J. The effects of myostatin mutation on the tibia bone quality in female Japanese quail before and after sexual maturation / J. Lee, et al // *Poultry Science* – 2023. – V.102 № 7 – P. 102734
 17. Fu, Y. Effects of rearing systems on the eggshell quality, bone parameters and expression of genes related to bone remodeling in aged laying hens / Y. Fu, et.al. // *Frontier Physiology*. – 2022 – V.13 – e962330.
 18. Cui, Y. M. Effect of photoperiod on growth performance and quality characteristics of tibia and femur in layer ducks during the pullet phase / Y. M. Cui, // *Poultry Science* – 2019. – V. 98 – P. 1190–1201.
 19. Research Note: Improved feed efficiency in quail with targeted genome editing in the myostatin gene / J. Lee J, D. H. Kim, A.M. Brower, I. Schlachter, K. Lee // *Poultry Science* – 2021. – V.100 (8) – e.101257
 20. Bessei, W. Impact of animal welfare on worldwide poultry production / W. Bessei // *World's. Poultry Science* – 2019. - J.74 – P. 211–224.