

Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных — филиал ФГБНУ Федеральный исследовательский центр животноводства — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста, Пушкин, Санкт-Петербург, Россия

✉ artemdysin@mail.ru

Поступила в редакцию: 05.07.2025

Одобрена после рецензирования: 11.09.2025

Принята к публикации: 26.09.2025

© Дысин А.П., Баркова О.Ю.

Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding — Branch of L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry, Pushkin, Saint Petersburg, Russia

✉ artemdysin@mail.ru

Received by the editorial office: 05.07.2025

Accepted in revised: 11.09.2025

Accepted for publication: 26.09.2025

© Dysin A.P., Barkova O.Yu.

Молекулярно-генетические и эпигенетические механизмы регуляции мясной продуктивности у кур: современные данные об эпигенетических, метаболических и породных особенностях

РЕЗЮМЕ

Современное птицеводство сталкивается с необходимостью повышения мясной продуктивности, что требует фундаментального понимания молекулярно-генетических и эпигенетических механизмов регуляции роста. Настоящий обзор посвящен анализу современных данных о молекулярно-генетических и эпигенетических механизмах, регулирующих мясную продуктивность у кур. Акцент сделан на ключевых генах (GHR, MSTN, GNPDA2, LDB2, KPNA3), их роли в развитии мышечной ткани, метаболизме и влиянии факторов окружающей среды. Обобщены результаты транскриптомных исследований, демонстрирующих различия в экспрессии генов между промышленными бройлерами и местными породами, а также роль эпигенетических модификаций в адаптации к стрессовым условиям и питанию. Показано, что селекция на быстрый рост сопряжена с активацией анаболических путей (IGF-1, PI3K/Akt), но увеличивает риск мышечных миопатий. Профили экспрессии в грудной мышце, мышцах ног и гипоталамусе отражают тканеспецифичность регуляции роста. Обзор подчеркивает необходимость учета генетического разнообразия и эпигенетической пластичности при селекции, а также перспективность применения мультиомных подходов для повышения эффективности птицеводства. Рассмотренные данные создают перспективу для разработки инновационных стратегий, направленных на оптимизацию роста, качества мяса и адаптации птиц к меняющимся условиям среды, которые включают углубленно изучение взаимодействия генов, разработку маркер-ориентированных программ селекции и применением нутриэпигеномики.

Ключевые слова: мясная продуктивность птицы, генетическая регуляция роста, эпигенетические факторы, экспрессия генов, местные и промышленные породы кур

Для цитирования: Дысин А.П., Баркова О.Ю. Молекулярно-генетические и эпигенетические механизмы регуляции мясной продуктивности у кур: современные данные об эпигенетических, метаболических и породных особенностях. *Аграрная наука*. 2025; 399(10): 142–158.

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-399-10-142-158>

Molecular genetic and epigenetic mechanisms of regulation of meat productivity in chickens: recent findings on epigenetic, metabolic and breed features

ABSTRACT

The contemporary poultry production industry is confronted with the imperative to enhance meat productivity, a goal that necessitates a comprehensive grasp of the molecular, genetic, and epigenetic mechanisms governing growth regulation. This review analyzes current data on molecular genetic and epigenetic mechanisms regulating meat production in chickens. The study places particular emphasis on key genes (GHR, MSTN, GNPDA2, LDB2, KPNA3), exploring their roles in muscle tissue development, metabolism, and the influence of environmental factors. The results of transcriptomic studies demonstrating differences in gene expression between commercial broilers and local breeds, as well as the role of epigenetic modifications in adaptation to stressful conditions and nutrition, are summarized. The present study demonstrates that selection for accelerated growth is associated with the activation of anabolic pathways (IGF-1, PI3K/Akt), yet concomitantly increases the risk of developing muscular myopathies. As shown, the expression profiles observed in the pectoral and leg muscles, as well as in the hypothalamus, indicate the tissue-specific nature of growth regulation. The review emphasizes the necessity of considering genetic diversity and epigenetic plasticity in breeding programs and the potential of multi-omics approaches to enhance the efficiency of poultry production. The data reviewed here provide a basis for developing innovative strategies to optimize growth, meat quality, and bird adaptation to changing environmental conditions. Such strategies may include an in-depth study of gene interactions, the development of marker-assisted breeding programs, and the application of nutriepigenomics. This paper examines the molecular genetic and epigenetic mechanisms regulating meat productivity in chickens, focusing on current data concerning epigenetic, metabolic, and breed-specific factors.

Key words: meat yield of poultry, genetic regulation of growth, epigenetic factors, gene expression, local and commercial chicken breeds

For citation: Dysin A.P., Barkova O.Yu. Molecular genetic and epigenetic mechanisms of regulation of meat productivity in chickens: recent findings on epigenetic, metabolic and breed features. *Agrarian science*. 2025; 399(10): 142–158 (in Russian).

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-399-10-142-158>

Введение/Introduction

Современное птицеводство играет ключевую роль в обеспечении глобальной продовольственной безопасности, предоставляя доступные источники высококачественного белка [1–5]. Растущий мировой спрос на птицеводческую продукцию стимулирует разработку и внедрение инновационных подходов, направленных на повышение показателей роста, мясной продуктивности и адаптационных способностей птиц [5–6].

Эти подходы основаны на углубленном изучении генетической архитектуры продуктивных признаков. Однако достигнутые успехи выявили значительные пробелы в понимании молекулярных механизмов регуляции роста и их взаимодействия с метаболическими и эпигенетическими факторами [10]. В связи с этим актуальным становится комплексное исследование генетических, молекулярных и эпигенетических процессов, определяющих фенотипические проявления роста у кур [11, 12].

Изучение профилей экспрессии генов является важным инструментом для раскрытия молекулярных механизмов, лежащих в основе фенотипических характеристик. Анализ экспрессии генов в различных тканях и условиях выращивания позволяет идентифицировать ключевые регуляторы роста, метаболизма и мышечного развития, которые напрямую влияют на мясную продуктивность [13–16]. Среди них особое значение имеют гены, связанные с соматотропной осью, такие как рецептор гормона роста (GHR) и инсулиноподобный фактор роста 1 (IGF-1), а также негативные регуляторы мышечной массы, например миостатин (MSTN) [17, 18]. Современные данные подчеркивают важность других генов, включая GNPDA2 (глюкозамин-6-фосфат деаминаза 2) и членов семейства LDB, которые регулируют гликолиз, энергетический гомеостаз и развитие мышечной ткани [19, 20].

Цели данного обзора — обобщение и анализ современных данных о молекулярно-генетических и эпигенетических механизмах, определяющих мясную продуктивность у кур, с акцентом на идентификацию ключевых генов, их роли в регуляции роста и развития мышечной ткани, а также на влиянии эпигенетических модификаций, породных особенностей и внешних факторов, таких как питание и стресс.

Рассматривая профили экспрессии генов, их регуляцию и влияние эпигенетических механизмов, авторы стремились предоставить всесторонний анализ того, как эти факторы формируют рост и развитие мышечной ткани у птицы. Эти знания необходимы для разработки инновационных подходов к селекции и управлению, направленных на повышение эффективности производства мяса при сохранении здоровья и благополучия животных.

Материалы и методы исследования / Materials and methods

Для подготовки настоящего литературного обзора использовали электронные базы данных PubMed, Scopus, Web of Science и Google Scholar. Поиск выполняли с использованием ключевых слов и комбинаций терминов, таких как «генетическая регуляция роста кур», «молекулярные механизмы мясной продуктивности», «эпигенетические факторы в птицеводстве», а также названий конкретных генов (GHR, MSTN, GNPDA2, INTS6, LDB2, KPNA3). В обзор были включены оригинальные исследования, обзорные статьи и монографии, опубликованные с 1996 года по настоящее время.

Для повышения объективности проведения обзора отбор и анализ публикаций выполняли два автора с последующим обсуждением и разрешением разногласий.

Систематизированные данные были сгруппированы по тематическим направлениям: молекулярно-генетические основы регуляции роста, эпигенетические механизмы, влияние питания и окружающей среды, породная и тканевая специфичность экспрессии генов. Такой подход позволил создать интегрированную картину современных достижений в области исследования роста домашней птицы и определить перспективные направления для дальнейших исследований и практического применения в птицеводстве.

Результаты и обсуждение / Results and discussion

Гены

GHR

Ген рецептора гормона роста (GHR) играет центральную роль в регуляции роста, метаболизма и общего здоровья у кур, выступая ключевым посредником в передаче сигналов гормона роста (GH). Как трансмембранный белок, GHR связывается с GH, активируя внутриклеточные сигнальные каскады, такие как путь JAK/STAT, которые способствуют анаболическим процессам, включая рост мышц и костей, а также поддерживают энергетический гомеостаз [21]. Вариации в гене GHR, такие как мутации и полиморфизмы, существенно влияют на фенотипические признаки, включая массу тела, размер тела и темпы роста, что делает его важным объектом для исследований в птицеводстве. Многочисленные исследования демонстрируют, что изменения в этом гене могут приводить к выраженным фенотипическим эффектам, подчеркивая его критическую роль в физиологии птиц.

Одним из наиболее изученных примеров является мутация у сцепленных с полом карликовых кур (SLD), которая представляет собой рецессивную делецию в гене GHR, приводящую к синтезу укороченного рецептора, не способного эффективно связывать GH [21]. Это вызывает значительное снижение роста и массы тела у

таких кур, что подчеркивает важность функционального GHR для нормального развития. В дополнение к мутациям полиморфизмы в гене GHR демонстрируют связь с вариациями в мясной продуктивности. Так, Khaerunnisa *et al.* (2017) выявили, что полиморфизм g.565G > A в гене GHR ассоциирован с улучшенными показателями живой массы, массы туши, массы грудных и бедренных мышц у кур Kampung и бройлеров, что указывает на его потенциал как маркера для селекционных программ, направленных на повышение мясной продуктивности [22].

Сложность регуляции GHR проявляется и в его способности транскрибироваться в двух направлениях, продуцируя как сенсорный транскрипт (GHR-S), так и антисмысловой транскрипт (GHR-AS), которые частично комплементарны и взаимодействуют друг с другом. Xu *et al.* (2019) показали, что экспрессия GHR-AS увеличивается в процессе дифференциации миобластов, способствуя этому процессу через активацию сигнального пути GH-GHR-IGF1. Сверхэкспрессия GHR-AS приводит к повышению экспрессии маркеров дифференциации, таких как MyoD и MyHC, и одновременно подавляет миграцию миобластов, что подчеркивает его роль в развитии мышечной ткани — ключевого аспекта мясной продуктивности [23]. Это дополняет данные Khaerunnisa *et al.* (2017), говоря о том, что GHR влияет на мышечную массу не только через структурные полиморфизмы, но и через регуляторные транскрипты.

Факторы питания модулируют экспрессию GHR и, соответственно, мясную продуктивность. Yenice *et al.* (2023) обнаружили, что добавление метионина в рацион бройлеров увеличивает экспрессию GHR в печени, что коррелирует с улучшенным приростом массы тела и выходом грудной мышцы. Это указывает на взаимосвязь между питанием и генетической регуляцией роста, где метионин выступает дополнительным фактором, усиливающим эффекты GHR [24].

Мутации в GHR также влияют на метаболизм липидов, что имеет значение для мясной продуктивности. Chen *et al.* (2021) показали, что у SLD кур с мутацией GHR наблюдается повышенное отложение абдоминального жира, связанное с изменениями в экспрессии генов SOCS2 и CISH, которые регулируют липидный обмен. Сверхэкспрессия этих генов способна подавлять избыточное накопление липидов, что указывает на их потенциальную роль в коррекции нежелательных эффектов мутации GHR [25]. Эти данные дополняют выводы Yang *et al.* (2022), которые, изучая нокдаун и сверхэкспрессию GHR *in vitro*, показали, что дефицит GHR усиливает экспрессию генов дифференциации жира (PPAR γ , FAS), тогда как его избыточная экспрессия подавляет липогенез и улучшает митохондриальную функцию, снижая перекисное окисление липидов.

Таким образом, GHR оказывает комплексное влияние на баланс между мышечной и жировой

тканью. Полиморфизмы в гене GHR связаны и с другими фенотипическими признаками, имеющими косвенное значение для мясной продуктивности. Yang *et al.* выявили полиморфизм rs3138025 в гене GH, ассоциированный с длиной кия у кур Wenshang Barred, и полиморфизм rs313810945 в гене IGF2, связанный с шириной и глубиной груди, что отражает интегрированную роль сигнального пути GH-GHR-IGF в формировании скелетно-мышечной структуры [26]. Хотя эти полиморфизмы непосредственно не затрагивают GHR, они подчеркивают его место в общей регуляторной сети роста. В то же время Kazemi *et al.* (2018) обнаружили связь полиморфизмов GHR с количеством и массой яиц у кур Mazandaran, что указывает на многофункциональность гена, влияющего как на мясные, так и на репродуктивные признаки [27]. Таким образом, экспрессия и функциональность гена GHR являются критическими для мясной продуктивности кур, определяя рост, развитие мышц и метаболизм.

Знания о полиморфизмах открывают возможности для селекции, направленной на улучшение мышечной массы, в то время как взаимодействие GHR с питательными факторами, такими как метионин, позволяет оптимизировать продуктивность через управление рационом. Вместе с тем влияние GHR на липидный обмен требует учета при разработке стратегий селекции, чтобы минимизировать нежелательное отложение жира. Дальнейшие исследования молекулярных механизмов действия GHR и его взаимодействия с другими генами и сигнальными путями могут способствовать созданию более эффективных подходов к повышению мясной продуктивности в птицеводстве.

IGF-1

Ген инсулиноподобного фактора роста (IGF-1) занимает центральное место в регуляции роста и развития у кур, существенно влияя на их мясную продуктивность. Современные исследования демонстрируют, что экспрессия IGF-1 связана с такими ключевыми аспектами, как рост мышц, аппетит, иммунная функция и генетические вариации, что в совокупности определяет эффективность производства мяса у бройлеров.

Одним из важных направлений исследований является влияние IGF-1 на аппетит и регуляцию питания, что непосредственно связано с приростом массы тела. Fujita *et al.* (2019) показали, что интрацеребровентрикулярное введение белка IGF-1 значительно снижает потребление корма у бройлеров, активируя проопиомеланокортин и фосфорилирование АКТ в гипоталамусе, при этом не влияя на экспрессию орексигенных нейропептидов NPY и AgRP. Интересно, что порог анорексии, вызванной IGF-1, у бройлеров оказался выше, чем у несушек, что может объяснять гиперфагию бройлеров и их способность к интенсивному росту [28].

Chen *et al.* (2018) установили, что добавление бетаина в рацион (500 или 1000 мг/кг) повышает экспрессию IGF-1 и активирует путь mTOR, что улучшает прирост массы тела и развитие грудной мышцы у бройлеров [29]. Аналогично Wen *et al.* (2017) показали, что высокие уровни метионина увеличивают концентрацию IGF-1 и рост грудной мышцы у быстрорастущих бройлеров посредством активации пути ERK [30]. Эти исследования подчеркивают синергизм между питанием и генетическим фоном в регуляции IGF-1, что открывает перспективы для изучения диетических аспектов. В дополнение к регуляции аппетита IGF-1 влияет на иммунную систему и рост, что отражается на мясной продуктивности.

Salehizadeh *et al.* (2019) обнаружили, что пробиотики на основе молочнокислых бактерий увеличивают экспрессию IGF-1 в печени бройлеров, что коррелирует с улучшением прироста массы тела, конверсии корма и усилением гуморального иммунитета [31]. Это исследование дополняет данные Fujita *et al.* (2019), показывая, что внешние факторы, такие как диетические добавки, могут модулировать экспрессию IGF-1, усиливая как рост, так и устойчивость организма, что в конечном итоге повышает продуктивность.

Генетические вариации в системе IGF играют важную роль в определении мясной продуктивности. Sinpru *et al.* (2021) изучили влияние генотипов гена гормона роста (GH) и IGF-1 на рост кур породы Korat и показали, что генотип A1A1 гена GH связан с более высокой массой тела на всех стадиях роста, тогда как генотипы IGF-1 не оказывали значительного влияния на гетерозис [32]. В то же время Hosnedlova *et al.* (2020) выявили значимые ассоциации между полиморфизмами гена TGF β 3 и массой тела на 21-й, 28-й и 35-й дни, а также с характеристиками туши, такими как убойный выход, хотя полиморфизмы IGF-1 и IGFBP2 не показали подобных эффектов. Эти данные указывают на то, что влияние IGF-1 может быть контекстно зависимым, а его взаимодействие с другими генами, такими как GH или TGF β 3, требует учета при селекции [33].

Guo *et al.* (2023) выявили полиморфизмы в генах IGFBP2, IGFBP3 и IGFBP5, связанные с массой тела и развитием мышц, причем IGFBP3 ингибирует пролиферацию, но способствует дифференциации миоцитов [34]. El-Attrouny *et al.* (2020) обнаружили, что порода Benha line с высокой экспрессией IGF-1 в печени и мышцах демонстрирует лучшие показатели роста по сравнению с другими породами, что делает IGF-1 потенциальным маркером для селекции продуктивных линий [35]. Однако Nurcahya *et al.* (2020) показали, что полиморфизмы IGF-2 не влияют на рост у кур SKKedu и KeduSK, что указывает на различия в значимости IGF-1 и IGF-2 в зависимости от породы и контекста [36].

На клеточном уровне IGF-1 стимулирует рост мышц, что является основой мясной продуктивности. Yu *et al.* (2015) продемонстрировали, что

экзогенный IGF-1 значительно усиливает пролиферацию миоцитов у эмбрионов кур через активацию сигнального пути PI3K/Akt, повышая экспрессию миогенных факторов, таких как MyoD и Myf5 [37]. Эти результаты согласуются с данными Saneysu *et al.* (2016), которые показали, что с возрастом уровни mPHK IGF-1 и фосфорилирование Akt/S6 в грудной мышце бройлеров снижаются, что указывает на возрастное подавление синтеза белка [38]. Таким образом, IGF-1 играет ключевую роль в раннем миогенезе, но его влияние ослабевает со временем, что важно учитывать при определении оптимального возраста убоя.

Экспрессия гена IGF-1 является ключевым фактором мясной продуктивности у кур, влияя на рост мышц, аппетит и иммунную функцию.

GNPDA2

Ген GNPDA2 (глюкозамин-6-фосфатдеаминаза 2) кодирует фермент, участвующий в метаболизме углеводов, и всё чаще признается ключевым регулятором энергетического гомеостаза у кур. Этот ген играет важную роль в преобразовании глюкозамин-6-фосфата в фруктозо-6-фосфат и аммиак, что является частью метаболического пути, влияющего на обмен глюкозы. Накопленные данные свидетельствуют о его значимости для поддержания энергетического баланса, что напрямую связано с массой тела, отложением жира и ростовыми характеристиками, особенно у промышленных бройлеров. Исследования как на людях, так и на животных подчеркивают связь GNPDA2 с метаболическими процессами, а у кур вариации в его экспрессии ассоциируются с различиями в этих признаках.

Сравнительные анализы транскриптомов демонстрируют, что экспрессия GNPDA2 варьирует между разными линиями кур. Например, у быстрорастущих бройлеров уровни экспрессии в жировой ткани и печени значительно выше, чем у медленнорастущих несушек, что коррелирует с увеличением массы тела и отложением жира [39]. Тканеспецифическая экспрессия гена также играет важную роль: полноразмерный транскрипт GNPDA2 преимущественно обнаруживается в жировой ткани, гипоталамусе и двенадцатиперстной кишке [19]. Интересно, что голодание снижает экспрессию GNPDA2 в гипоталамусе на 58,8%, но после повторного кормления она возвращается к норме. Диета с высоким содержанием глюкозы и жиров увеличивает экспрессию в жировой ткани почти в два раза по сравнению с контрольной группой, что указывает на чувствительность гена к энергетическому статусу и питанию [19].

Хотя текущая совокупность исследований подтверждает роль GNPDA2 в регуляции энергетического метаболизма и роста у кур, необходимы дальнейшие функциональные исследования для выяснения точных механизмов, посредством

которых данный ген влияет на гликолитический поток и анаболические процессы. Такие исследования могут включать манипулирование экспрессией GNPDA2 *in vitro* с использованием первичных культур миообластов кур или *in vivo* с помощью трансгенных подходов. Эти исследования будут иметь решающее значение для разработки целевых стратегий разведения и для подтверждения GNPDA2 как надежного маркера в программах селекции с использованием маркеров.

MSTN

Член суперсемейства трансформирующего фактора роста бета (TGF- β) миостатин (MSTN) является общепризнанным отрицательным регулятором роста мышц. Его функция заключается в подавлении пролиферации и дифференциации миообластов, что ограничивает образование мышечных волокон и, соответственно, общую мышечную массу. Снижение экспрессии MSTN или функциональные мутации приводят к значительному увеличению мышечной массы — феномену, известному как «двойная мускулатура». Механизм действия MSTN хорошо изучен: он подавляет ключевые миогенные регуляторные факторы, такие как MYOD1 и MYOG, препятствуя миогенной дифференциации и ограничивая формирование мышечных волокон [40].

McPherron *et al.* (1997) впервые продемонстрировали, что нарушение работы MSTN вызывает резкий рост массы скелетных мышц у коров [40]. Эти наблюдения были актуальны и для других пород КРС, у которых мутации MSTN ассоциировались не только с увеличением мышечной массы, но и с улучшенной конверсией корма, что обеспечивало более быстрый рост при меньшем потреблении пищи [41]. Снижение экспрессии MSTN стабильно коррелирует с увеличением гипертрофии мышечных волокон и общим ростом. Этот процесс делает MSTN важной мишенью для генетических и эпигенетических манипуляций, направленных на усиление мышечного роста.

У кур аналогичные закономерности выявлены в линиях, отобранных для высокой массы тела. Такие особи демонстрируют более низкие уровни транскриптов MSTN по сравнению с медленнорастущими линиями.

Современные исследования, включая анализы РНК-секвенирования, подтвердили обратную зависимость между уровнями мРНК MSTN и темпами роста мышц у кур. Kim *et al.* (2022) показали, что у бройлеров, отличающихся быстрым ростом, соотношение изоформ Mstn-B к Mstn-A в мышцах выше, чем у несушек, что связано с большей площадью поперечного сечения мышечных волокон и общей гипертрофией мышц [42]. Изоформа Mstn-B, подавляя антимيوгенную активность Mstn-A, способствует увеличению мышечной массы, что подтверждается и в обзоре Lee *et al.* (2024), где подчеркивается стабильно более высокое соотношение изоформ B и A у бройлеров,

несмотря на отсутствие последовательного снижения общей экспрессии MSTN по сравнению с несушками [43].

Эти данные дополняются результатами Xu *et al.* (2022), которые, нокаутировав MSTN в миообластах куриных эмбрионов, выявили дифференциальную экспрессию генов, связанных с дифференциацией и энергетическим метаболизмом, включая активацию сигнальных путей MAPK и PI3K/Akt, известных своей ролью в эффектах MSTN у млекопитающих [44]. Ren *et al.* (2024) уточняют, что MSTN активирует путь ERK1/ERK2 MAPK, негативно регулируя дифференциацию миоцитов, и демонстрируют возможность модуляции его экспрессии внешними факторами, такими как лютеин, что открывает перспективы для новых подходов к кормлению [45].

Влияние MSTN на мясную продуктивность зависит и от генетического фона и условий выращивания. Yousefi *et al.* (2024) установили, что у бройлеров Cobb экспрессия MSTN в грудной мышце ниже, чем у Ross и Arian, что коррелирует с их более высокой массой тела и улучшенными показателями роста, подчеркивая роль генетической вариации [46]. В то же время Kumaravel *et al.* (2023) выявили, что диета с 21%-ным содержанием белка снижает экспрессию MSTN у кур Aseel, улучшая прирост массы и конверсию корма, что согласуется с выводами Ren *et al.* (2024) о питательной модуляции MSTN [47]. Однако Lee *et al.* (2024) отмечают, что стрессовые факторы, такие как высокая температура или плотность посадки, могут повышать экспрессию MSTN, снижая рост, что подчеркивает необходимость оптимизации условий содержания [43]. Malila *et al.* (2022) добавляют, что у быстрорастущих кур с возрастом проявляются признаки мышечных аномалий, таких как белые полосы, сопровождаемые изменением экспрессии генов, включая MSTN, что указывает на потенциальные компромиссы между ростом и качеством мышц [48].

Таким образом, MSTN остается ключевой мишенью для генетического улучшения в птицеводстве, а новые данные об изоформах, сигнальных путях и методах редактирования генома открывают пути для создания устойчивых линий кур с улучшенными показателями роста и продуктивности при условии дальнейших исследований для минимизации рисков.

Семейство LDB

LDB (белок, связывающий домен LIM) функционирует как адаптерный белок, который облегчает сборку транскрипционных регуляторных комплексов путем связывания с факторами транскрипции, содержащими домен LIM. Эта роль хорошо известна в системах млекопитающих [49, 50], и новые данные теперь указывают на то, что LDB2 актуален для домашней птицы. В частности, исследования демонстрируют значимость генов этого семейства для экспрессии и регуляции

процессов, связанных с развитием скелетных мышц у кур, что имеет важное значение для мясной продуктивности.

Недавние работы выявили ключевые особенности экспрессии генов семейства LDB у птиц. Например, Wei *et al.* (2020) впервые описали 31-bp индел в гене LDB2, основываясь на анализе 2797 особей из 10 различных пород кур. Этот индел приводит к появлению генотипов II, ID и DD, среди которых генотип DD оказался доминирующим. Ассоциативный анализ популяции F2, полученной от скрещивания кур пород Gushi (GS) и Anka, показал, что особи с генотипом DD обладают значительно более высокими показателями массы тела по сравнению с генотипом ID. Кроме того, экспрессия гена LDB2 в разных породах кур оказалась значительно выше в грудных и ножных мышцах по сравнению с другими тканями. У кур породы GS уровень экспрессии в грудной мышце варьировался на разных стадиях развития, достигая максимума на 6-й неделе, а у кур Ross 308 наблюдались значительные различия в экспрессии LDB2 в грудных мышцах между генотипами. Таким образом, полиморфизм в LDB2 не только влияет на фенотипические характеристики, но и модулирует экспрессию гена в мышечной ткани, что подчеркивает его потенциал как маркера для селекционных программ [20].

Wei *et al.* (2024) затронули другой член семейства — ген *LDB3*, который известен как белок Z-полосы, специфичный для поперечнополосатых мышц, и играет важную роль в развитии скелетных мышц млекопитающих, хотя его функции у птиц до сих пор изучены недостаточно. Они провели многократный анализ данных RNA-секвенирования 1415 образцов из 21 ткани кур, доступных в базе NCBI GEO, и выявили три варианта LDB3 (LDB3-X, LDB3-XN1 и LDB3-XN2), образующихся в результате альтернативного сплайсинга в скелетных мышцах. Функциональные исследования *in vitro* и *in vivo* показали, что сплайс-изомеры этого белка выполняют различные роли в скелетных мышцах. В частности, через взаимодействие с белками IGF2BP1 и MYHC они способствуют пролиферации и дифференциации миоцитов у кур, регулируя тем самым миогенез [51].

Эпигенетическая регуляция генов, связанных с ростом кур

Эпигенетические механизмы, такие как метилирование ДНК, модификации гистонов и активность некодирующих РНК, играют важнейшую роль в регуляции экспрессии генов у кур, не затрагивая последовательность их ДНК. Эти процессы обладают высокой чувствительностью к факторам окружающей среды и способны влиять на фенотипические признаки, такие как масса тела и развитие мышц [52].

В птицеводстве экспериментальные данные свидетельствуют о том, что введение пребиотиков

и синбиотиков на стадии инкубации (*in ovo*) может вызывать значительные эпигенетические изменения в развивающемся эмбрионе. Например, Dunislawska *et al.* (2020) исследовали воздействие синбиотика (комбинации пребиотика, такого как галактоолигосахариды или олигосахариды семейства раффинозы, с пробиотическими штаммами *Lactobacillus salivarius* или *Lactobacillus plantarum*) на бройлерные яйца. Их работа показала, что подобное раннее вмешательство не только изменяет состав кишечной микробиоты, но и приводит к масштабным изменениям эпигенетического ландшафта в тканях-мишенях, таких как печень.

Используя методы бисульфитного секвенирования с уменьшенным представлением (RRBS) и количественной ПЦР для анализа экспрессии микроРНК, исследователи выявили глобальные сдвиги в структуре метилирования ДНК и уровнях экспрессии ряда микроРНК. В частности, они отметили изменения метилирования в промоторных областях генов-регуляторов метаболизма, таких как *ANGPTL4* и *NR4A3*, которые играют ключевую роль в липидном обмене и энергетическом гомеостазе. Эти изменения коррелировали с улучшением показателей роста и эффективности кормления [53]. Sikorska *et al.* (2021) дополнили эти результаты, показав, что введение синбиотиков *in ovo* способно перепрограммировать профили микроРНК в печени, влияя на экспрессию микроРНК, связанных с ростом и стрессовыми реакциями. Это указывает на то, что ранняя модуляция экспрессии микроРНК может формировать долговременную молекулярную память, воздействующую на генные регуляторные сети вплоть до взрослого возраста [54].

Dunislawska *et al.* (2023) подтвердили, что манипуляции с кишечной микробиотой посредством пребиотиков *in ovo* изменяют паттерны метилирования ДНК в определенных CpG-сайтах генов, связанных с развитием мышц, иммунной функцией и метаболизмом питательных веществ, в тканях кишечника и печени [55]. Эти изменения сопровождались сдвигами в профилях экспрессии микроРНК, что, как предполагается, позволяет точно настраивать транскрипционные реакции, необходимые для оптимального роста. В новейших исследованиях данных авторов использовали мультиомические подходы, сочетающие транскриптомику и эпигеномику, чтобы показать долгосрочное влияние синбиотиков на сети регуляции генов. Они выявили, что инъекции синбиотиков (PoultryStar®) и холина на 12-й день инкубации яиц вызывают значительные изменения в экспрессии генов в цекальных миндалинах и слизистой цекума у кур, причем эти эффекты проявляются как в межгенерационном, так и в трансгенерационном аспектах [56]. В частности, в цекальных миндалинах наблюдался значительный трансгенерационный эффект в поколении F3 после снижения активности в F2, тогда как

в слизистой цекума преобладали межгенерационные изменения в поколении F2, с менее выраженными, но сохраняющимися эффектами в F3, особенно в группе с однократной инъекцией синбиотика. Эти данные подчеркивают тканеспецифичность и динамику эпигенетических модификаций, демонстрируя, что биоактивные соединения способны вызывать устойчивые изменения в регуляции генов, передаваемые через поколения.

Alagawany *et al.* (2022) в обзоре по нутриэпигеномике отметили, что питательные вещества и нутрицевтики, включенные в рацион птиц, могут усиливать экспрессию генов, связанных с метаболизмом, ростом, иммунитетом и антиоксидантной активностью, подчеркивая роль нутригеномики в изучении влияния питания на генную экспрессию и нутригенетики в оценке реакции организма на биоактивные компоненты пищи в зависимости от генетического профиля. Тем самым интегративные исследования, объединяющие транскриптомные и эпигеномные данные, показывают, что эпигенетические изменения работают совместно с генетическим отбором, формируя как фенотипическую, так и поведенческую эволюцию кур [57]. Например, Yu *et al.* (2024) обнаружили, что метилирование m6A регулирует экспрессию генов CUBN, MEGF10, BOP1 и BMPR2, которые играют ключевую роль в развитии грудной мышцы и отложении внутримышечного жира (IMF) у кур породы Jingyuan на разных стадиях роста (42, 126 и 180 дней), причем эти гены демонстрируют стадийно-специфические различия в экспрессии во время дифференциации миобластов и преадипоцитов, что делает их потенциальными кандидатами для улучшения мясной продуктивности через целенаправленные эпигенетические и генетические вмешательства [58].

Понимание эпигенетической регуляции генов, связанных с ростом кур, открывает новые возможности для совершенствования стратегий разведения птицы. Управляя условиями окружающей среды, чтобы добиться полезных эпигенетических изменений, селекционеры могут улучшить показатели роста и жизнестойкости кур без изменения их генетической структуры. Этот подход может дополнить традиционные методы генетической селекции, обеспечивая более целостный подход к птицеводству.

Различия профилей экспрессии у промышленных бройлеров и местных пород

Достижения в области высокопроизводительной транскриптомики позволили исследователям раскрыть различные профили экспрессии генов в породах кур с расходящимися историями селекции. Сравнительный анализ последовательно показывает, что промышленные бройлеры и местные породы демонстрируют заметно отличающиеся транскрипционные ландшафты, которые отражают их специализированные черты роста и продуктивности.

Промышленные бройлеры

Промышленные бройлеры были селективно выведены для быстрого роста и высокого выхода мышечной массы, что привело к значительным транскриптомным изменениям. Эти интенсивно отобранные птицы демонстрируют надежную регуляцию генов, участвующих в мышечной гипертрофии, энергетическом обмене веществ и соматотропной оси, при этом сигнализация IGF-1 играет центральную роль в регуляции роста и метаболизма [59]. В частности, такие гены, как IGF-1 и его рецептор GHR, экспрессируются на более высоких уровнях у бройлеров по сравнению с несушками или местными породами, что подчеркивает заметное различие в регуляторных генных сетях, лежащих в основе роста мышц [60].

Эта повышенная экспрессия анаболических генов коррелирует с усиленным синтезом белка, ускоренной пролиферацией миобластов и увеличением мышечной массы, что способствует исключительной массе тела, достигаемой промышленными бройлерами. Более того, недавнее исследование показало, что промышленные бройлеры обладают транскрипционной сигнатурой, обогащенной путями, связанными с гликолизом и окислительным фосфорилированием (OXPHOS), особенно в тканях скелетных мышц [61]. Эти метаболические адаптации необходимы для быстрого роста и высокой эффективности корма. Однако эти же данные свидетельствуют о том, что этот быстрый рост создает нагрузку на систему окислительного метаболизма, которая может подавлять систему OXPHOS, вызывая дисфункцию митохондрий [61].

Более того, сравнительные исследования между современными и наследственными линиями бройлеров показывают, что селективное разведение не только усилило экспрессию генов, связанных с ростом мышц, но и изменило метаболические профили. Например, Kong *et al.* (2017) обнаружили, что у современных бройлеров линии Ross 308 по сравнению с неотобранной линией Barred Plymouth Rock наблюдается более низкая экспрессия генов, кодирующих митохондриальные белки, что указывает на сниженное содержание митохондрий в мышцах современных бройлеров [62]. Это может быть связано с изменениями в типах мышечных волокон и эффективностью роста, поскольку современные бройлеры демонстрируют активацию путей, связанных с быстрым ростом и мышечной гипертрофией, таких как сигнализация PDGF и ответ на окислительный стресс, опосредованный NFE2L2. Кроме того, регуляторные факторы, такие как MSTN, фоллиостатин (FST) и PRKAG3, играют ключевую роль в миогенезе и метаболизме питательных веществ, что подчеркивает генетические адаптации, направленные на оптимизацию роста мышц и эффективности корма [63].

Дальнейшие исследования подтверждают наличие различий в профилях экспрессии генов

между разными промышленными линиями бройлеров. Jawasreh *et al.* (2019) показали, что в четырех промышленных линиях — Hubbard Classic, Cobb500, Ross308 и Indian River — наблюдаются различия в экспрессии факторов роста мышц, таких как MSTN и IGF-I, а также маркерных генов мышц MyoD и MyoG. В частности, линия Ross 308 демонстрирует наивысшую экспрессию MSTN, тогда как Indian River — наивысшую экспрессию IGF-I [64].

Эти различия коррелируют с фенотипическими характеристиками, такими как масса тела, вес туши и качество мяса, что указывает на то, что селективное разведение целенаправленно формировало разные аспекты роста и продуктивности в различных линиях. Кроме того, исследования Lassiter *et al.* (2019) выявили связь между экспрессией генов в грудной мышце и кормовой эффективностью. Бройлеры с высокой кормовой эффективностью демонстрируют подавление экспрессии генов пути сигнализации миостатина и повышение экспрессии генов, способствующих образованию мышц и росту, что свидетельствует о генетической основе для улучшенного развития мышц и синтеза белка [65]. Это подчеркивает важность генетического отбора для оптимизации не только роста, но и эффективности использования корма — ключевого экономического показателя в птицеводстве.

Однако интенсивное разведение по скорости роста сопряжено с рисками для здоровья мышц. Yalcin *et al.* (2018) исследовали изменения экспрессии генов в грудной мышце в ответ на глубокую миопатию грудной мышцы у медленно- и быстрорастущих бройлеров. Они обнаружили, что индуцирование грудной миопатии приводит к увеличению площади мышечных волокон и изменению экспрессии генов, связанных с развитием сосудов (VEGFA) и регуляцией сокращения мышц (ACTA1, MYLK2, ATP2A1). Медленнорастущие бройлеры имеют более высокий базовый уровень экспрессии этих генов и больше капилляров, но развитие миопатии вызывает адаптивные ответы для повышения доступности кислорода и развития мышц [66]. Это указывает на то, что хотя современные бройлеры оптимизированы для быстрого роста, это может увеличивать их восприимчивость к мышечным расстройствам.

Таким образом, исследования демонстрируют сложное взаимодействие между генетическим отбором, экспрессией генов и фенотипом у промышленных бройлеров. Селективное разведение привело к повышению экспрессии генов, способствующих росту мышц и эффективности корма, но сопровождается потенциальными компромиссами в метаболической функции и здоровье мышц. Понимание этих механизмов критически важно для разработки устойчивых стратегий разведения и управления, которые оптимизируют продуктивность без ущерба для благополучия животных.

Местные породы

Местные породы кур обычно демонстрируют более сбалансированный фенотип, характеризующийся умеренными темпами роста и повышенной приспособленностью к местным условиям окружающей среды. Исследования подтвердили, что эти породы развили уникальные генетические адаптации, чтобы справляться со сложными условиями. Профили экспрессии их генов часто показывают отличительную комбинацию черт: хотя эти местные птицы не достигают экстремальной мышечной массы, как у промышленных бройлеров, они часто выражают лучшую реакцию на стресс и экспрессию метаболических генов, которые обеспечивают устойчивость в неоптимальных условиях выращивания. Например, исследование Izadnia *et al.* (2018) выявило, что у местных пород кур экспрессия генов в печени, связанных с метаболическими процессами, такими как метаболизм карбоновых кислот, и реакцией на стресс, значительно отличается от таковой у промышленных бройлеров. Анализ дифференциальной экспрессии показал, что 121 ген был сверхэкспрессирован, а 279 — подавлены у местных пород, причем многие из подавленных генов обогащены в количественных локусах признаков (QTL), связанных с эффективностью использования корма. Среди ключевых кандидатных генов, таких как RSAD2, IL15, LIPI, EGR1 и DUSP16, выделяются те, что могут влиять на остаточное кормление и рост, подчеркивая метаболические адаптации, способствующие выживанию в сложных условиях [67].

Эти метаболические особенности дополняются данными о генах, связанных с ростом мышц. Так, Chen *et al.* (2019) в своем исследовании кур Jinghai Yellow сравнили быстро- и медленнорастущие группы, выявив дифференциальную экспрессию генов в грудной мышце. У четырехнедельных особей в быстрорастущей группе были обнаружены 172 дифференциально экспрессированных гена у самцов и 31 — у самок, а у восьминедельных — 37 и 44 соответственно. Гены, такие как SNCG, MCL1, ARNTL, PLPPR4 и VAMP1, оказались связаны с пролиферацией и дифференциацией клеток, что указывает на различия в механизмах роста мышц между группами [68]. Эти находки иллюстрируют, что у местных пород, несмотря на более медленный рост, существуют уникальные генетические профили, обеспечивающие сбалансированное развитие мышечной ткани, в отличие от промышленных бройлеров, где акцент смещен на быстрый набор массы.

Важным аспектом устойчивости местных пород является их иммунная адаптация, что подчеркивает исследование Li *et al.* (2020). Сравнивая миникур Daweishan, полуселекционированных кур Wuding и промышленных бройлеров Avian, авторы обнаружили, что местные породы демонстрируют более высокую экспрессию генов защитных пептидов в кишечнике, особенно у Daweishan, что коррелирует с их ролью во врожденном

иммунитете как первой линии защиты. В то же время у бройлеров наблюдалась повышенная экспрессия этих генов в иммунных органах (селезенке, тимусе, бурсе), что связано с адаптивным иммунитетом. Интересно, что уровень экспрессии генов защитных пептидов отрицательно коррелировал с таковым для массы тела в кишечнике и положительно — в иммунных органах, демонстрируя различия в иммунных стратегиях между местными и промышленными породами [69]. Эти данные дополняют выводы Izadnia *et al.* (2018) об устойчивости местных пород, показывая, что их генетические адаптации охватывают не только метаболизм, но и иммунную защиту.

Таким образом, в отличие от промышленных бройлеров, у которых селекция направлена на максимальную мясную продуктивность, местные породы выделяются своей устойчивостью и приспособляемостью, что делает их ценным объектом для изучения генетических основ адаптации и потенциального улучшения пород. Эти данные подчеркивают важность комплексного подхода к анализу экспрессии генов мясной продуктивности кур, где рост, метаболизм и иммунитет взаимосвязаны и определяют общую жизнеспособность птицы в различных условиях.

Профили экспрессии в различных тканях

Грудная мышца

Грудная мышца является основным направлением в птицеводстве из-за ее высокой коммерческой ценности. Исследования экспрессии генов факторов роста в сателлитных клетках грудной мышцы и бедренной мышцы показывают, что такие факторы, как TGF- β 2, миостатин, активин-B, фоллистатин, IGF-II и bFGF, играют важную роль в регуляции пролиферации и дифференциации мышечных клеток. Например, Kosamis *et al.* (2000) выявили, что уровень мРНК TGF- β 2 значительно увеличивается через 48 часов культивирования и остается стабильным до 144 часов в культурах сателлитных клеток обеих мышц, что указывает на его участие в поздних стадиях дифференциации. В то же время экспрессия миостатина демонстрирует резкий всплеск в культуре клеток бедренных мышц на 72-м часу, отличаясь от более стабильного профиля в грудной мышце, что может отражать различия в метаболических потребностях этих мышц [70]. Отсутствие экспрессии IGF-I в этих культурах наряду со снижением IGF-II в бедренной мышце после 96 часов подчеркивает, что другие факторы роста, возможно, компенсируют их роль в развитии грудной мышцы у бройлеров.

Еще один уровень регуляции роста мышц обеспечивают микроРНК, как показали Zhang *et al.* (2020) в сравнении пород Sichuan mountainous black-bone и Dahan. Выявленные различия в экспрессии 32 микроРНК между этими породами, включая gga-miR-1a-3p и miR-204, демонстрируют их влияние на метаболизм жирных кислот и

сигнальные пути MAPK. В частности, miR-204, пониженная в DH, ингибирует MAP3K13, что может способствовать более быстрому росту мышц у этой породы за счет изменения сигнальных каскадов [71]. Эти данные дополняют транскриптомный анализ Zhang *et al.* (2017), где сравнение грудной мышцы кур Gushi и AA бройлеров выявило 1649 дифференциально экспрессируемых генов, включая те, что связаны с метаболизмом липидов (например, LPL, FABP5, PPARG), и гены развития мышц (MYL10, MYH7B) [72]. Повышенная экспрессия CETP у кур Gushi указывает на генетически обусловленные различия в накоплении липидов, влияющие на качество мяса.

Интенсивная селекция на рост, однако, сопряжена с побочными эффектами, такими как ранее обсуждаемые мышечные миопатии. Bordini *et al.* (2022) с помощью анализа коэкспрессии генов (WGCNA) выявили модули, связанные с шириной груди и содержанием белка, включая гены, участвующие в убиквитин-опосредованном протеолизисе, воспалительных реакциях и метаболизме коллагена (например, COL6A3, MMP2) [73]. Эти изменения указывают на метаболический стресс и нарушение структуры мышц, что подтверждается данными Mutryn *et al.* (2015) о дисфункции фокальной адгезии и окислительном стрессе [74]. В то же время Hu *et al.* (2020), изучая тибетских и пекинских кур, показали, что дифференциально экспрессируемые гены (например, CACNA1H, TGIF2) связаны с путями MAPK и TGF- β , что может отражать адаптацию к гипоксии, но подчеркивает разнообразие молекулярных механизмов роста мышц в разных породах [75].

Роль метаболической регуляции дополнительно раскрывается через анализ FKBP5 — негативного регулятора глюкокортикоидного ответа. Du *et al.* (2025) показали, что FKBP5 высоко экспрессируется в инсулинчувствительных тканях, включая грудную мышцу, с пиком на 19-й день эмбрионального развития. Эксперименты с инсулином, голоданием и энергетическим ограничением демонстрируют его чувствительность к метаболическим стимулам: инсулин вызывает резкий рост экспрессии FKBP5 у бройлеров, тогда как голодание и ограничение энергии снижают его уровень [76]. Это указывает на участие FKBP5 в поддержании метаболического гомеостаза, что может быть связано с эффективностью роста и качеством мяса у промышленных линий.

Таким образом, экспрессия генов, связанных с ростом в грудной мышце кур, определяется сложным взаимодействием анаболических, метаболических и регуляторных путей, включая факторы роста, микроРНК и стрессовые ответы. Сравнительные исследования подчеркивают, что селекция на быстрый рост у бройлеров усиливает гликолитический метаболизм и гипертрофию волокон, но приводит к компромиссам в виде миопатий и изменения качества мяса. Понимание этих молекулярных механизмов

открывает перспективы для целенаправленного улучшения мясной продуктивности, балансирующего рост, здоровье и вкусовые качества.

Мышцы ног

В отличие от грудной мышцы, мышцы ног, такие как икроножная и четырехглавая, демонстрируют отчетливую транскриптомную сигнатуру. Мышцы ног, как правило, содержат более высокую долю окислительных волокон, что способствует метаболическому профилю, благоприятствующему выносливости и устойчивому сокращению [77]. Многочисленные исследования экспрессии генов продемонстрировали, что молекулярные механизмы, лежащие в основе развития и функционирования мышц ног у кур, тесно связаны с адаптацией к длительным нагрузкам и метаболической устойчивостью, что имеет важное значение для мясной продуктивности и качества мяса. Эти данные основаны на анализе транскриптомных профилей, выполненных в различных исследованиях, которые выявляют как общие закономерности, так и специфические особенности в зависимости от породы кур и стадий их развития.

Так, исследование Xue *et al.* (2017) сосредоточено на ранних стадиях роста кур и выявило 978 дифференциально экспрессируемых генов в мышцах ног на трех этапах развития. Эти гены, включая такие ключевые регуляторы, как MYOD1, FGF2, IGFBP5 и MYH10, участвуют в процессах роста клеток, развития мышц и клеточной активности, включая миграцию и пролиферацию. Анализ путей KEGG показал значительное обогащение в пяти сигнальных каскадах, связанных с ростом и развитием, таких как взаимодействие с внеклеточным матриксом, фокальная адгезия, плотные контакты, инсулиновая сигнализация и регуляция актинового цитоскелета. Эти пути подчеркивают важность структурных и метаболических адаптаций мышц ног, что согласуется с их окислительным фенотипом [78]. В свою очередь, Yin *et al.* (2021), изучая породу Haiyang yellow на четырех стадиях развития, выявили значительно большее число DEGs — 6150, среди которых такие гены, как MSTN, MYOD1, IGF1 и MYF5, играют центральную роль в регуляции роста и дифференциации мышц [79].

Примечательно, что обогащение путей ECM-рецепторного взаимодействия, фокальной адгезии, плотных контактов и инсулиновой сигнализации перекликается с выводами Xue *et al.* (2017), что указывает на консервативность этих механизмов независимо от породы и количества выявленных генов. Дополняя эти данные, Wu *et al.* (2018) сравнили экспрессию генов в мышцах ног кур породы Jinghai yellow с разной скоростью роста и выявили 87 генов. Среди них гены, участвующие в развитии скелетной системы и эмбриональных процессах, а также обогащение в инсулиновом и адипоцитокиновом сигнальных

путях, подчеркивают метаболическую основу различий в росте [80]. Хотя число генов в этом исследовании существенно меньше, чем в работах Xue *et al.* (2017) и Yin *et al.* (2021), акцент на инсулиновую сигнализацию согласуется с общими выводами о роли метаболических каскадов в поддержании окислительного профиля мышц ног. Сходные результаты получены и в исследовании He *et al.* (2019), где у кур породы Bian с разной массой тела были идентифицированы 108 генов. Здесь внимание уделено генам, связанным с сердечной и скелетной мускулатурой, а также плотным контактам, что дополняет картину структурных адаптаций, выявленных в других работах [81]. Обогащение в таких путях, как адренергическая сигнализация и сокращение мышц, указывает на дополнительные функциональные аспекты, связанные с устойчивостью к нагрузкам.

Сравнивая эти исследования, можно отметить, что, несмотря на различия в количестве генов и специфике пород, ключевые молекулярные пути (инсулиновая сигнализация, взаимодействие с ECM, фокальная адгезия и плотные контакты) остаются общими и отражают универсальные механизмы формирования метаболического и структурного профиля мышц ног. Таким образом, транскриптомные профили мышц ног у кур демонстрируют активацию генов, поддерживающих окислительный метаболизм и выносливость, что резко контрастирует с гликолитическим фенотипом грудной мышцы.

Гипоталамус

Гипоталамус, критический регуляторный центр в мозге, демонстрирует заметно отличающийся профиль экспрессии генов по сравнению с периферическими мышечными тканями. Хотя гипоталамус напрямую не способствует росту мышечной массы, он управляет ростом и массой тела через нейроэндокринные сигналы. Он регулирует аппетит, энергетический гомеостаз и секрецию гормонов, связанных с ростом, путем модуляции нейропептидов, таких как нейропептид Y (NPY), агути-родственный пептид (AgRP) и проопиомеланокортин (POMC) [82]. Эти процессы имеют ключевое значение для мясной продуктивности кур, поскольку гипоталамус интегрирует генетические и внешние факторы, влияющие на метаболизм и рост.

Многолетние исследования показывают, что экспрессия генов в гипоталамусе варьирует в зависимости от породы, возраста, питательных условий и стрессовых факторов, что позволяет глубже понять физиологические механизмы, лежащие в основе различий в продуктивности. Так, Yuan *et al.* (2009) выявили, что у бройлеров по сравнению с несушками значительно выше экспрессия мПНК и белка глюкокортикоидного рецептора (GR) в гипоталамусе, что связано с усиленной отрицательной обратной связью, регулирующей уровень кортикотропин-рилизинг-гормона (CRH).

Это сопровождается более низким уровнем мРНК CRH, но повышенным накоплением пептида CRH, что указывает на различия в регуляции оси «гипоталамус — гипофиз — надпочечники (HPA)» между породами. Кроме того, у бройлеров отмечается повышенная экспрессия гена FTO, ассоциированного с ожирением, подчеркивая роль гипоталамических генов в формировании энергетического баланса и массы тела [83]. Эти данные свидетельствуют о том, что генетическая селекция бройлеров усиливает экспрессию генов, связанных с энергетическим гомеостазом, а не орексигенными нейропептидами, такими как NPY или AgRP, которые не показали значимых различий между породами.

Сходные выводы дополняются исследованиями Piórkowska *et al.* (2020), которые выявили 43 дифференциально экспрессируемых гена (DEG) в гипоталамусе цыплят разного возраста, включая гены, регулирующие пищевое поведение (OXT, NPY, PMCH, BSX). У кур с низким темпом роста наблюдалась повышенная экспрессия генов, связанных с развитием органов, регуляцией гормонов и аппетитом, что указывает на адаптивные молекулярные механизмы, компенсирующие замедленный рост. В то же время у более старших кур с низким темпом роста активация генов воспалительного ответа и иммунных процессов подчеркивает сложность гипоталамической регуляции, которая выходит за рамки простого контроля массы тела [84]. Эти результаты согласуются с данными Yuan *et al.* (2009), демонстрируя, что гипоталамус играет многогранную роль в адаптации метаболизма к генетическим и физиологическим условиям.

Внешние факторы, такие как тепловой стресс, существенно влияют на экспрессию генов в гипоталамусе. Sun *et al.* (2015) показали, что при тепловом стрессе у кур происходят повышение экспрессии генов PTGS2, FIGF, ACTC1, MYH11 и BMP3 и понижение HMOX1 и PDGFB. Эти изменения связаны с ухудшением качества мяса, роста и скелетного развития, что указывает на ингибирующее влияние стресса на мышечную ткань через гипоталамические сигналы [85]. Tu *et al.* (2016) дополняют эти данные, отмечая, что острый тепловой стресс вызывает повышение экспрессии генов GNRH1, HSPB1, NPY и HSP25, а также понижение TRH2, влияя на репродуктивные функции и стрессовые реакции [86]. Сравнение этих исследований показывает, что тепловой стресс оказывает как краткосрочное, так и долгосрочное воздействие на продуктивность, изменяя экспрессию генов, связанных с метаболизмом и гормональной регуляцией.

Питательный стресс, такой как голодание, модулирует гипоталамическую активность. Fang *et al.* (2014) установили, что 48-часовое голодание усиливает экспрессию орексигенных нейропептидов NPY и AgRP, одновременно снижая экспрессию анорексигенного POMC, что сопровождается

изменениями в генах метаболизма липидов и глюкозы [87]. Это подчеркивает адаптивную роль гипоталамуса в условиях ограниченного питания, что особенно важно для интенсивного выращивания кур. Интересно, что инъекции ингибиторов и активаторов метаболических путей подтвердили влияние этих генов на аппетит, что связывает молекулярные изменения с поведенческими реакциями.

Badakhshan & Roudbari (2024) добавляют еще один аспект, показывая, что у кур в состоянии насиживания снижается экспрессия генов пролактинового пути (PRL, PRLR, AGRP, GHRL), тогда как гены серотонинергического (HTR4, TPH1, TPH2) и мелатонинергического (MTNR1) путей активируются [88]. Эти изменения косвенно влияют на метаболизм и рост, демонстрируя, как репродуктивное поведение может модулировать продуктивность через гипоталамус.

Таким образом, гипоталамус выступает центральным узлом в регуляции роста и мясной продуктивности кур, интегрируя генетические различия и внешние воздействия через сложную сеть нейропептидов, гормонов и метаболических путей.

Выводы/Conclusions

Настоящий обзор обобщает и анализирует современные научные данные о молекулярно-генетических и эпигенетических механизмах, лежащих в основе мясной продуктивности у кур, демонстрируя их сложное взаимодействие в регуляции роста и развития мышечной ткани. Ключевые гены, такие как GHR, IGF-1, GNPDA2, MSTN и LDB2, играют центральную роль в этих процессах: GHR и IGF-1 стимулируют анаболические пути и рост мышц, GNPDA2 поддерживает энергетический гомеостаз, MSTN выступает отрицательным регулятором мышечной массы, а LDB2 модулирует развитие скелетных мышц. Эпигенетические модификации, включая метилирование ДНК и активность микроРНК, существенно влияют на экспрессию этих генов, особенно под воздействием питания и стресса, что подтверждается различиями в профилях экспрессии между промышленными бройлерами и местными породами.

Промышленные бройлеры демонстрируют повышенную экспрессию генов роста, но ценой риска мышечных миопатий, тогда как местные породы адаптированы к стрессу и устойчивости. Тканеспецифичность экспрессии (например, в грудной мышце, мышцах ног и гипоталамусе) подчеркивает необходимость учета функциональных особенностей тканей при селекции. Эти выводы обосновывают перспективы применения мультиомных подходов и нутри-эпигенетики для создания устойчивых линий кур с оптимизированной продуктивностью и здоровьем, что отвечает вызовам современного птицеводства.

Все авторы несут ответственность за работу и представленные данные. Все авторы внесли равный вклад в работу. Авторы в равной степени принимали участие в написании рукописи и несут равную ответственность за плагиат. Авторы объявили об отсутствии конфликта интересов.

All authors bear responsibility for the work and presented data. All authors made an equal contribution to the work. The authors were equally involved in writing the manuscript and bear the equal responsibility for plagiarism. The authors declare no conflict of interest.

ФИНАНСИРОВАНИЕ

Исследование выполнено при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (№ НИОКТР 124020200114-7).

FUNDING

This research was funded by the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation (No. Research and Development Programme 124020200114-7).

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

1. Bist R.B. *et al.* Sustainable poultry farming practices: a critical review of current strategies and future prospects. *Poultry Science*. 2024; 103(12): 104295. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2024.104295>
2. Yin Zh. *et al.* Cecal Microbial Succession and Its Apparent Association with Nutrient Metabolism in Broiler Chickens. *mSphere*. 2023; 8(3): e00614–e00622. <https://doi.org/10.1128/msphere.00614-22>
3. Вязьнен Г.Н. и др. Биотехнические методы повышения продуктивности и биохимические показатели крови цыплят-бройлеров кросса Ross 508. *Аграрная наука*. 2022; 356(2): 47–53. <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2022-356-2-47-53>
4. Топурия Л.Ю., Топурия Г.М. Переваримость питательных веществ корма и состояние обмена веществ у утят при применении «Иммунофлора». *Аграрная наука*. 2025; (2): 67–72. <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-391-02-67-72>
5. Неверова О.П. и др. Влияние биотехнологической добавки на весовой рост цыплят-бройлеров. *Аграрная наука*. 2023; (11): 70–75. <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2023-376-11-70-75>
6. Фёдорова З.Л., Вахрамеев А.Б., Макарова А.В. Перспектива использования пород кур комбинированного типа продуктивности в органическом птицеводстве. *Аграрная наука*. 2022; (12): 51–56. <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2022-365-12-51-56>
7. Колесник Е.А., Дерхо М.А., Ребезов М.Б., Мамылина Н.В. Индекс атерогенности, соотношения липопротеинов, общего холестерина и белка бройлерных кур как фактор здоровьесберегающих технологий. *Аграрный вестник Урала*. 2024; 24(1): 1459–1475. <https://doi.org/10.32417/1997-4868-2024-24-11-1459-1475>
8. Багно О.А., Прохоров О.Н., Федотов С.С., Рассолов С.Н., Шмидт А.А. Эффективность использования экструдированной пихтовой муки в кормлении цыплят-бройлеров. *Аграрная наука*. 2023; (11): 76–81. <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2023-376-11-76-81>
9. Kolesnik E.A., Derkho M.A., Rebezov M.B. Atherogenicity index, “good” lipoproteins and the ratio of total cholesterol and protein of broiler chickens in the health system. *Journal of Osh State University. Agriculture: Agronomy, Veterinary and Zootechnics*. 2024; 4(9): 28–35. [https://doi.org/10.52754/16948696_2024_4\(9\)_5](https://doi.org/10.52754/16948696_2024_4(9)_5)
10. David S.-A., Mersch M., Foissac S., Collin A., Pitel F., Coustham V. Genome-Wide Epigenetic Studies in Chicken: A Review. *Epigenomes*. 2017; 1(3): 20. <https://doi.org/10.3390/epigenomes1030020>
11. Мельников Н.П. и др. Происхождение, генетика и особенности эволюции генома сельскохозяйственных кур. *Научное обозрение. Биологические науки*. 2024; (1): 71–78. <https://doi.org/10.17513/srbs.1357>
12. Хвостик В.П., Бондаренко Ю.В. Интенсивность роста мясо-яичных курей різного генетичного походження. *Вісник Сумського національного аграрного університету. Серія: Тваринництво*. 2021; 3(46): 91–94 (на укр. яз.) <https://doi.org/10.32845/bsnau.lvst.2021.3.12>
13. Ротова А.Ю., Багно О.А. Изучение экспрессии генов при оценке влияния различных факторов в птицеводстве. *Актуальные научно-технические средства и сельскохозяйственные проблемы: материалы XI Национальной научно-практической конференции с международным участием*. Кемерово: Кузбасский государственный аграрный университет им. В.Н. Полецкова. 2023; 144–147. <https://elibrary.ru/pnhura>
14. Иылдырым Е.А. и др. Влияние различных форм лизина и метионина в рационе бройлеров на профиль транскрипции ключевых генов. *Аграрная наука*. 2025; 391(02): 87–94. <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-391-02-87-94>
15. Титов В.Ю. и др. Генетические маркеры мясной продуктивности домашних птиц. *Молекулярно-генетические технологии для анализа экспрессии генов продуктивности и устойчивости к заболеваниям животных: материалы 2-й Международной научно-практической конференции*. М.: Сельскохозяйственные технологии. 2020; 136–150. <https://elibrary.ru/kbcbhm>

REFERENCES

1. Bist R.B. *et al.* Sustainable poultry farming practices: a critical review of current strategies and future prospects. *Poultry Science*. 2024; 103(12): 104295. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2024.104295>
2. Yin Zh. *et al.* Cecal Microbial Succession and Its Apparent Association with Nutrient Metabolism in Broiler Chickens. *mSphere*. 2023; 8(3): e00614–e00622. <https://doi.org/10.1128/msphere.00614-22>
3. Vyayzenen G.N. *et al.* Biotechnical methods for increasing productivity and blood biochemical parameters of broiler chickens of the Ross 508 cross. *Agrarian Science*. 2022; 356(2): 47–53 (in Russian). <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2022-356-2-47-53>
4. Topuria L.Yu., Topuria G.M. Digestibility of feed nutrients and metabolic status in ducklings using “Immunoflor”. *Agrarian science*. 2025; (2): 67–72 (in Russian). <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-391-02-67-72>
5. Neverova O.P. *et al.* Influence of a biotechnological additive on the weight growth of broiler chickens. *Agrarian science*. 2023; (11): 70–75 (in Russian). <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2023-376-11-70-75>
6. Fedorova Z.L., Vakhrameev A.B., Makarova A.V. The prospect of using chicken breeds of the combined type of productivity in organic poultry farming. *Agrarian science*. 2022; (12): 51–56 (in Russian). <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2022-365-12-51-56>
7. Kolesnik E.A., Derkho M.A., Rebezov M.B., Mamylyna N.V. Atherogenicity index, lipoprotein ratio, total cholesterol and protein of broiler chickens as a factor in health-saving technologies. *Agrarian Bulletin of the Urals*. 2024; 24(1): 1459–1475 (in Russian). <https://doi.org/10.32417/1997-4868-2024-24-11-1459-1475>
8. Bagno O.A., Prokhorov O.N., Fedotov S.S., Rassolov S.N., Schmidt A.A. Efficiency of the use of extruded fir flour in feeding broiler chickens. *Agrarian science*. 2023; (11): 76–81 (in Russian). <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2023-376-11-76-81>
9. Kolesnik E.A., Derkho M.A., Rebezov M.B. Atherogenicity index, “good” lipoproteins and the ratio of total cholesterol and protein of broiler chickens in the health system. *Journal of Osh State University. Agriculture: Agronomy, Veterinary and Zootechnics*. 2024; 4(9): 28–35. [https://doi.org/10.52754/16948696_2024_4\(9\)_5](https://doi.org/10.52754/16948696_2024_4(9)_5)
10. David S.-A., Mersch M., Foissac S., Collin A., Pitel F., Coustham V. Genome-Wide Epigenetic Studies in Chicken: A Review. *Epigenomes*. 2017; 1(3): 20. <https://doi.org/10.3390/epigenomes1030020>
11. Melnikov N.P. *et al.* Origin, genetics and evolutionary features of the genome of farm chickens. *Scientific review. Biological sciences*. 2024; (1): 71–78 (in Russian). <https://doi.org/10.17513/srbs.1357>
12. Khvostyk V.P., Bondarenko Yu.V. Growth intensity of meat-laying chickens of different genetic origin. *Bulletin of Sumy National Agrarian University. Series: Livestock*. 2021; 3(46): 91–94 (in Ukrainian). <https://doi.org/10.32845/bsnau.lvst.2021.3.12>
13. Rotova A.Yu., Bagno O.A. Study of gene expression in assessing the influence of various factors in poultry farming. *Current scientific and technical means and agricultural problems: Proceedings of the XI National scientific and practical conference with international participation*. Kemerovo: Kuzbass State Agrarian University named after V.N. Poletskov. 2023; 144–147 (in Russian). <https://elibrary.ru/pnhura>
14. Yildirim E.A. *et al.* The effect of various forms of lysine and methionine in the broiler diet on the transcription profile of key genes. *Agrarian science*. 2025; 391(02): 87–94 (in Russian). <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-391-02-87-94>
15. Titov V.Yu. *et al.* Genetic markers of meat productivity of poultry. *Molecular genetic technologies for the analysis of gene expression of productivity and resistance to animal diseases: Proceedings of the 2nd International Scientific and Practical Conference*. Moscow: Agricultural technologies. 2020; 136–150 (in Russian). <https://elibrary.ru/kbcbhm>

16. Йылдырым Е.А. и др. Экспрессия генов у сельскохозяйственной птицы под влиянием Т-2 токсина и применения биопрепаратов. *Acta biomedica scientifica*. 2022; 7(3): 180–189. <https://doi.org/10.29413/ABS.2022-7.3.19>
17. Kim J.W. The Endocrine Regulation of Chicken Growth. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*. 2010; 23(12): 1668–1676. <https://doi.org/10.5713/ajas.2010.10329>
18. Bhattacharya T.K., Chatterjee R.N. Polymorphism of the myostatin gene and its association with growth traits in chicken. *Poultry Science*. 2013; 92(4): 910–915. <https://doi.org/10.3382/ps.2012-02736>
19. Ouyang H. et al. Identification, expression and variation of the *GNPDA2* gene, and its association with body weight and fatness traits in chicken. *PeerJ*. 2016; 4: e2129. <https://doi.org/10.7717/peerj.2129>
20. Wei C. et al. Molecular characterization and a duplicated 31-bp indel within the *LDB2* gene and its associations with production performance in chickens. *Gene*. 2020; 761: 145046. <https://doi.org/10.1016/j.gene.2020.145046>
21. Hull K.L., Fraser R.A., Marsh J.A., Harvey S. Growth hormone receptor gene expression in sex-linked dwarf Leghorn chickens: evidence against a gene deletion. *Journal of Endocrinology*. 1993; 137(1): 91–98. <https://doi.org/10.1677/joe.0.1370091>
22. Khaerunnisa I., Jakaria J., Arief I.I., Budiman C., Sumantri C. The Associations of GH and GHR Genes with Carcass Components in Indonesian Kampung and Broiler Chicken Cross. *Media Peternakan*. 2017; 40(2): 78–87. <https://doi.org/10.5398/medpet.2017.40.2.78>
23. Xu H.D. et al. Roles of chicken growth hormone receptor antisense transcript in chicken muscle development and myoblast differentiation. *Poultry Science*. 2019; 98(12): 6980–6988. <https://doi.org/10.3382/ps/pez416>
24. Yenice E., Çenesiz A.A., Yavaş İ., Toprak N.N., Çiftci İ., Ceylan N. An investigation of the assumed efficacy of methionine hydroxy analogue compared to DL-methionine by measuring growth performance, carcass traits, and GHR and IGF-I expression in broilers. *Italian Journal of Animal Science*. 2023; 22(1): 1083–1094. <https://doi.org/10.1080/1828051X.2023.2271056>
25. Chen L. et al. Integrative Analyses of mRNA Expression Profile Reveal SOCS2 and CISH Play Important Roles in GHR Mutation-Induced Excessive Abdominal Fat Deposition in the Sex-Linked Dwarf Chicken. *Front Genet*. 2021; 11: 610605. <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.610605>
PMID: 33519913
PMCID: PMC7841439
26. Yang C. et al. Effects of Growth-Related Genes on Body Measurement Traits in Wenshang Barred Chickens. *The Journal of Poultry Science*. 2022; 59(4): 323–327. <https://doi.org/10.2141/jpsa.0210138>
27. Kazemi H., Rezaei M., Hafezian H., Mianji G.R., Najafi M. Genetic Analysis of SNPs in *GH*, *GHR*, *IGF-I* and *IGFBP-II* Genes and their Association with Some Productive and Reproductive Traits in Native Breeder Hens. *Gene Technology*. 2018; 7(1): 145. <https://doi.org/10.4172/2329-6682.1000145>
28. Fujita S., Honda K., Yamaguchi M., Fukuzo S., Saneyasu T., Kamisoyama H. Role of Insulin-like Growth Factor-1 in the Central Regulation of Feeding Behavior in Chicks. *The Journal of Poultry Science*. 2019; 56(4): 270–276. <https://doi.org/10.2141/jpsa.0180127>
29. Chen R., Zhuang S., Chen Y.P., Cheng Y.F., Wen C., Zhou Y.M. Betaine improves the growth performance and muscle growth of partridge shank broiler chickens by altering myogenic gene expression and insulin-like growth factor-1 signaling pathway. *Poultry Science*. 2018; 97(12): 4297–4305. <https://doi.org/10.3382/ps/pey303>
30. Wen C., Jiang X., Ding L., Wang T., Zhou Y. Effects of dietary methionine on breast muscle growth, myogenic gene expression and IGF-I signaling in fast- and slow-growing broilers. *Scientific Reports*. 2017; 7: 1924. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-02142-z>
31. Salehizadeh M., Modarressi M.H., Mousavi S.N., Ebrahimi M.T. Effects of probiotic lactic acid bacteria on growth performance, carcass characteristics, hematological indices, humoral immunity, and IGF-I gene expression in broiler chicken. *Tropical Animal Health and Production*. 2019; 51(8): 2279–2286. <https://doi.org/10.1007/s11250-019-01935-w>
32. Sinpru P. et al. Association of growth hormone and insulin-like growth factor I genotype with body weight, dominance of body weight, and mRNA expression in Korat slow-growing chickens. *Animal Bioscience*. 2021; 34(12): 1886–1894. <https://doi.org/10.5713/ab.20.0729>
16. Yildirim E.A. et al. Gene expression in farm poultry under the influence of T-2 toxin and the use of biological preparations. *Acta biomedica scientifica*. 2022; 7(3): 180–189 (in Russian). <https://doi.org/10.29413/ABS.2022-7.3.19>
17. Kim J.W. The Endocrine Regulation of Chicken Growth. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*. 2010; 23(12): 1668–1676. <https://doi.org/10.5713/ajas.2010.10329>
18. Bhattacharya T.K., Chatterjee R.N. Polymorphism of the myostatin gene and its association with growth traits in chicken. *Poultry Science*. 2013; 92(4): 910–915. <https://doi.org/10.3382/ps.2012-02736>
19. Ouyang H. et al. Identification, expression and variation of the *GNPDA2* gene, and its association with body weight and fatness traits in chicken. *PeerJ*. 2016; 4: e2129. <https://doi.org/10.7717/peerj.2129>
20. Wei C. et al. Molecular characterization and a duplicated 31-bp indel within the *LDB2* gene and its associations with production performance in chickens. *Gene*. 2020; 761: 145046. <https://doi.org/10.1016/j.gene.2020.145046>
21. Hull K.L., Fraser R.A., Marsh J.A., Harvey S. Growth hormone receptor gene expression in sex-linked dwarf Leghorn chickens: evidence against a gene deletion. *Journal of Endocrinology*. 1993; 137(1): 91–98. <https://doi.org/10.1677/joe.0.1370091>
22. Khaerunnisa I., Jakaria J., Arief I.I., Budiman C., Sumantri C. The Associations of GH and GHR Genes with Carcass Components in Indonesian Kampung and Broiler Chicken Cross. *Media Peternakan*. 2017; 40(2): 78–87. <https://doi.org/10.5398/medpet.2017.40.2.78>
23. Xu H.D. et al. Roles of chicken growth hormone receptor antisense transcript in chicken muscle development and myoblast differentiation. *Poultry Science*. 2019; 98(12): 6980–6988. <https://doi.org/10.3382/ps/pez416>
24. Yenice E., Çenesiz A.A., Yavaş İ., Toprak N.N., Çiftci İ., Ceylan N. An investigation of the assumed efficacy of methionine hydroxy analogue compared to DL-methionine by measuring growth performance, carcass traits, and GHR and IGF-I expression in broilers. *Italian Journal of Animal Science*. 2023; 22(1): 1083–1094. <https://doi.org/10.1080/1828051X.2023.2271056>
25. Chen L. et al. Integrative Analyses of mRNA Expression Profile Reveal SOCS2 and CISH Play Important Roles in GHR Mutation-Induced Excessive Abdominal Fat Deposition in the Sex-Linked Dwarf Chicken. *Front Genet*. 2021; 11: 610605. <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.610605>
PMID: 33519913
PMCID: PMC7841439
26. Yang C. et al. Effects of Growth-Related Genes on Body Measurement Traits in Wenshang Barred Chickens. *The Journal of Poultry Science*. 2022; 59(4): 323–327. <https://doi.org/10.2141/jpsa.0210138>
27. Kazemi H., Rezaei M., Hafezian H., Mianji G.R., Najafi M. Genetic Analysis of SNPs in *GH*, *GHR*, *IGF-I* and *IGFBP-II* Genes and their Association with Some Productive and Reproductive Traits in Native Breeder Hens. *Gene Technology*. 2018; 7(1): 145. <https://doi.org/10.4172/2329-6682.1000145>
28. Fujita S., Honda K., Yamaguchi M., Fukuzo S., Saneyasu T., Kamisoyama H. Role of Insulin-like Growth Factor-1 in the Central Regulation of Feeding Behavior in Chicks. *The Journal of Poultry Science*. 2019; 56(4): 270–276. <https://doi.org/10.2141/jpsa.0180127>
29. Chen R., Zhuang S., Chen Y.P., Cheng Y.F., Wen C., Zhou Y.M. Betaine improves the growth performance and muscle growth of partridge shank broiler chickens by altering myogenic gene expression and insulin-like growth factor-1 signaling pathway. *Poultry Science*. 2018; 97(12): 4297–4305. <https://doi.org/10.3382/ps/pey303>
30. Wen C., Jiang X., Ding L., Wang T., Zhou Y. Effects of dietary methionine on breast muscle growth, myogenic gene expression and IGF-I signaling in fast- and slow-growing broilers. *Scientific Reports*. 2017; 7: 1924. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-02142-z>
31. Salehizadeh M., Modarressi M.H., Mousavi S.N., Ebrahimi M.T. Effects of probiotic lactic acid bacteria on growth performance, carcass characteristics, hematological indices, humoral immunity, and IGF-I gene expression in broiler chicken. *Tropical Animal Health and Production*. 2019; 51(8): 2279–2286. <https://doi.org/10.1007/s11250-019-01935-w>
32. Sinpru P. et al. Association of growth hormone and insulin-like growth factor I genotype with body weight, dominance of body weight, and mRNA expression in Korat slow-growing chickens. *Animal Bioscience*. 2021; 34(12): 1886–1894. <https://doi.org/10.5713/ab.20.0729>

33. Hosnedlova B. *et al.* Associations Between *IGF1*, *IGFBP2* and *TGFβ3* Genes Polymorphisms and Growth Performance of Broiler Chicken Lines. *Animals*. 2020; 10(5): 800. <https://doi.org/10.3390/ani10050800>
34. Guo Y. *et al.* Evolutionary analysis and functional characterization reveal the role of the insulin-like growth factor system in a diversified selection of chickens (*Gallus gallus*). *Poultry Science*. 2023; 102(3): 102411. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2022.102411>
35. El-Attrouny M.M., Iraqi M.M., Sabike I.I., Abdelatty A.M., Moustafa M.M., Badr O.A. Comparative evaluation of growth performance, carcass characteristics and timed series gene expression profile of *GH* and *IGF-1* in two Egyptian indigenous chicken breeds versus Rhode Island Red. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 2021; 138(4): 463–473. <https://doi.org/10.1111/jbg.12517>
36. Nurcahya H., Sinaga E., Darwati S., Khaerunissa I. Relationship between of Insuline Like growth Factor-2 Gene and Growth Traits in Crosses of Indonesian Local Chicken. *Journal of Physics: Conference Series*. 2020; 1665: 012015. <https://doi.org/10.1088/1742-6596/1665/1/012015>
37. Yu M. *et al.* Insulin-like growth factor-1 (IGF-1) promotes myoblast proliferation and skeletal muscle growth of embryonic chickens via the PI3K/Akt signalling pathway. *Cell Biology International*. 2015; 39(8): 910–922. <https://doi.org/10.1002/cbin.10466>
38. Saneyasu T. *et al.* The IGF-1/Akt/S6 Signaling Pathway is Age-Dependently Downregulated in the Chicken Breast Muscle. *The Journal of Poultry Science*. 2016; 53(3): 213–219. <https://doi.org/10.2141/jpsa.0150171>
39. Abdalla B.A., Chen J., Nie Q., Zhang X. Genomic Insights Into the Multiple Factors Controlling Abdominal Fat Deposition in a Chicken Model. *Frontiers in Genetics*. 2018; 9: 262. <https://doi.org/10.3389/fgene.2018.00262>
40. McPherron A.C., Lee S.-J. Double muscling in cattle due to mutations in the myostatin gene. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 1997; 94(23): 12457–12461. <https://doi.org/10.1073/pnas.94.23.12457>
41. Kambadur R., Sharma M., Smith T.P.L., Bass J.J. Mutations in *myostatin* (*GDF8*) in Double-Muscled Belgian Blue and Piedmontese Cattle. *Genome Research*. 1997; 7(9): 910–915. <https://doi.org/10.1101/gr.7.9.910>
42. Kim D.-H. *et al.* Differential Expression of MSTN Isoforms in Muscle between Broiler and Layer Chickens. *Animals*. 2022; 12(5): 539. <https://doi.org/10.3390/ani12050539>
43. Lee J., Kim D.-H., Lee K. Myostatin gene role in regulating traits of poultry species for potential industrial applications. *Journal of Animal Science and Biotechnology*. 2024; 15: 82. <https://doi.org/10.1186/s40104-024-01040-5>
44. Xu K. *et al.* Transcriptomic Analysis of *MSTN* Knockout in the Early Differentiation of Chicken Fetal Myoblasts. *Genes*. 2022; 13(1): 58. <https://doi.org/10.3390/genes13010058>
45. Ren T., Xu M., Lin W., Luo W., Zhang X. Transcriptome sequencing reveals the potential mechanisms of dietary lutein regulation on chicken leg muscle development. *Poultry Science*. 2024; 103(12): 104265. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2024.104265>
46. Yousefi K., Allymehr M., Talebi A., Tukmechi A. A comparative study on the expression of myogenic genes and their effects on performance and meat quality in broiler chicken strains. *Veterinary Research Forum*. 2024; 15(5): 243–250. <https://doi.org/10.30466/vrf.2024.2014542.4046>
47. Kumaravel V., Mohan B., Natarajan A., Murali N., Selvaraj P., Vasanthakumar P. Effect on growth performance, carcass traits, and myostatin gene expression in Aseel chicken fed varied levels of dietary protein in isocaloric energy diets. *Tropical Animal Health and Production*. 2023; 55(2): 82. <https://doi.org/10.1007/s11250-023-03505-7>
48. Malila Y. *et al.* Differential expression patterns of genes associated with metabolisms, muscle growth and repair in *Pectoralis major* muscles of fast- and medium-growing chickens. *PLoS ONE*. 2022; 17(10): e0275160. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0275160>
49. Mukhopadhyay M. *et al.* Functional ablation of the mouse *Ldb1* gene results in severe patterning defects during gastrulation. *Development*. 2003; 130(3): 495–505. <https://doi.org/10.1242/dev.00225>
50. Yasuoka Y., Kobayashi M., Kurokawa D., Akasaka K., Saiga H., Taira M. Evolutionary origins of blastoporal expression and organizer activity of the vertebrate gastrula organizer gene *lhx1* and its ancient metazoan paralog *lhx3*. *Development*. 2009; 136(12): 2005–2014. <https://doi.org/10.1242/dev.028530>
33. Hosnedlova B. *et al.* Associations Between *IGF1*, *IGFBP2* and *TGFβ3* Genes Polymorphisms and Growth Performance of Broiler Chicken Lines. *Animals*. 2020; 10(5): 800. <https://doi.org/10.3390/ani10050800>
34. Guo Y. *et al.* Evolutionary analysis and functional characterization reveal the role of the insulin-like growth factor system in a diversified selection of chickens (*Gallus gallus*). *Poultry Science*. 2023; 102(3): 102411. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2022.102411>
35. El-Attrouny M.M., Iraqi M.M., Sabike I.I., Abdelatty A.M., Moustafa M.M., Badr O.A. Comparative evaluation of growth performance, carcass characteristics and timed series gene expression profile of *GH* and *IGF-1* in two Egyptian indigenous chicken breeds versus Rhode Island Red. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 2021; 138(4): 463–473. <https://doi.org/10.1111/jbg.12517>
36. Nurcahya H., Sinaga E., Darwati S., Khaerunissa I. Relationship between of Insuline Like growth Factor-2 Gene and Growth Traits in Crosses of Indonesian Local Chicken. *Journal of Physics: Conference Series*. 2020; 1665: 012015. <https://doi.org/10.1088/1742-6596/1665/1/012015>
37. Yu M. *et al.* Insulin-like growth factor-1 (IGF-1) promotes myoblast proliferation and skeletal muscle growth of embryonic chickens via the PI3K/Akt signalling pathway. *Cell Biology International*. 2015; 39(8): 910–922. <https://doi.org/10.1002/cbin.10466>
38. Saneyasu T. *et al.* The IGF-1/Akt/S6 Signaling Pathway is Age-Dependently Downregulated in the Chicken Breast Muscle. *The Journal of Poultry Science*. 2016; 53(3): 213–219. <https://doi.org/10.2141/jpsa.0150171>
39. Abdalla B.A., Chen J., Nie Q., Zhang X. Genomic Insights Into the Multiple Factors Controlling Abdominal Fat Deposition in a Chicken Model. *Frontiers in Genetics*. 2018; 9: 262. <https://doi.org/10.3389/fgene.2018.00262>
40. McPherron A.C., Lee S.-J. Double muscling in cattle due to mutations in the myostatin gene. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 1997; 94(23): 12457–12461. <https://doi.org/10.1073/pnas.94.23.12457>
41. Kambadur R., Sharma M., Smith T.P.L., Bass J.J. Mutations in *myostatin* (*GDF8*) in Double-Muscled Belgian Blue and Piedmontese Cattle. *Genome Research*. 1997; 7(9): 910–915. <https://doi.org/10.1101/gr.7.9.910>
42. Kim D.-H. *et al.* Differential Expression of MSTN Isoforms in Muscle between Broiler and Layer Chickens. *Animals*. 2022; 12(5): 539. <https://doi.org/10.3390/ani12050539>
43. Lee J., Kim D.-H., Lee K. Myostatin gene role in regulating traits of poultry species for potential industrial applications. *Journal of Animal Science and Biotechnology*. 2024; 15: 82. <https://doi.org/10.1186/s40104-024-01040-5>
44. Xu K. *et al.* Transcriptomic Analysis of *MSTN* Knockout in the Early Differentiation of Chicken Fetal Myoblasts. *Genes*. 2022; 13(1): 58. <https://doi.org/10.3390/genes13010058>
45. Ren T., Xu M., Lin W., Luo W., Zhang X. Transcriptome sequencing reveals the potential mechanisms of dietary lutein regulation on chicken leg muscle development. *Poultry Science*. 2024; 103(12): 104265. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2024.104265>
46. Yousefi K., Allymehr M., Talebi A., Tukmechi A. A comparative study on the expression of myogenic genes and their effects on performance and meat quality in broiler chicken strains. *Veterinary Research Forum*. 2024; 15(5): 243–250. <https://doi.org/10.30466/vrf.2024.2014542.4046>
47. Kumaravel V., Mohan B., Natarajan A., Murali N., Selvaraj P., Vasanthakumar P. Effect on growth performance, carcass traits, and myostatin gene expression in Aseel chicken fed varied levels of dietary protein in isocaloric energy diets. *Tropical Animal Health and Production*. 2023; 55(2): 82. <https://doi.org/10.1007/s11250-023-03505-7>
48. Malila Y. *et al.* Differential expression patterns of genes associated with metabolisms, muscle growth and repair in *Pectoralis major* muscles of fast- and medium-growing chickens. *PLoS ONE*. 2022; 17(10): e0275160. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0275160>
49. Mukhopadhyay M. *et al.* Functional ablation of the mouse *Ldb1* gene results in severe patterning defects during gastrulation. *Development*. 2003; 130(3): 495–505. <https://doi.org/10.1242/dev.00225>
50. Yasuoka Y., Kobayashi M., Kurokawa D., Akasaka K., Saiga H., Taira M. Evolutionary origins of blastoporal expression and organizer activity of the vertebrate gastrula organizer gene *lhx1* and its ancient metazoan paralog *lhx3*. *Development*. 2009; 136(12): 2005–2014. <https://doi.org/10.1242/dev.028530>

51. Wei C. *et al.* Divergent Regulatory Roles of Transcriptional Variants of the Chicken *LDB3* Gene in Muscle Shaping. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*. 2024; 72(21): 12240–12250. <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.4c00520>
52. Guerrero-Bosagna C., Skinner M.K. Environmentally induced epigenetic transgenerational inheritance of phenotype and disease. *Molecular and Cellular Endocrinology*. 2012; 354(1–2): 3–8. <https://doi.org/10.1016/j.mce.2011.10.004>
53. Dunislawski A., Slawinska A., Siwek M. Hepatic DNA Methylation in Response to Early Stimulation of Microbiota with *Lactobacillus* Synbiotics in Broiler Chickens. *Genes*. 2020; 11(5): 579. <https://doi.org/10.3390/genes11050579>
54. Sikorska M., Siwek M., Slawinska A., Dunislawski A. miRNA Profiling in the Chicken Liver under the Influence of Early Microbiota Stimulation with Probiotic, Prebiotic, and Synbiotic. *Genes*. 2021; 12(5): 685. <https://doi.org/10.3390/genes12050685>
55. Dunislawski A., Gryzinska M., Siwek M. Changes in the gene expression and methylation in chicken cecal tonsils after in ovo administration of bioactive substances. *Scientific Reports*. 2023; 13: 19840. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-47080-1>
56. Ibrahim M., Bednarczyk M., Stadnicka K., Grochowska E. Inter- and Transgenerational Effects of In Ovo Stimulation with Bioactive Compounds on Cecal Tonsils and Cecal Mucosa Transcriptomes in a Chicken Model. *International Journal of Molecular Sciences*. 2025; 26(3): 1174. <https://doi.org/10.3390/ijms26031174>
57. Alagawany M. *et al.* Betaine and related compounds: Chemistry, metabolism and role in mitigating heat stress in poultry. *Journal of Thermal Biology*. 2022; 104: 103168. <https://doi.org/10.1016/j.jtherbio.2021.103168>
58. Yu B. *et al.* Identification of key differentially methylated genes in regulating muscle development and intramuscular fat deposition in chickens. *International Journal of Biological Macromolecules*. 2024; 264(2): 130737. <https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2024.130737>
59. Florini J.R., Ewton D.Z., Coolican S.A. Growth Hormone and the Insulin-Like Growth Factor System in Myogenesis. *Endocrine Reviews*. 1996; 17(5): 481–517. <https://doi.org/10.1210/edrv-17-5-481>
60. Li R., Hu Y., Ni Y., Xia D., Grossmann R., Zhao R. Leptin stimulates hepatic activation of thyroid hormones and promotes early posthatch growth in the chicken. *Comparative Biochemistry and Physiology Part A: Molecular & Integrative Physiology*. 2011; 160(2): 200–206. <https://doi.org/10.1016/j.cbpa.2011.06.001>
61. Wu H., Xu T., Yang N., Zhang J., Xu S. Low-Se Diet Increased Mitochondrial ROS to Suppress Myoblasts Proliferation and Promote Apoptosis in Broilers via miR-365-3p/SeIT Signaling Axis. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*. 2024; 72(1): 284–299. <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.3c04406>
62. Kong B.-W. *et al.* RNA sequencing for global gene expression associated with muscle growth in a single male modern broiler line compared to a foundational Barred Plymouth Rock chicken line. *BMC Genomics*. 2017; 18: 82. <https://doi.org/10.1186/s12864-016-3471-y>
63. Mohammadabadi M., Bordbar F., Jensen J., Du M., Guo W. Key Genes Regulating Skeletal Muscle Development and Growth in Farm Animals. *Animals*. 2021; 11(3): 835. <https://doi.org/10.3390/ani11030835>
64. Jawasreh K., Al Athamneh S., Al-Zghoul M.B., Al Amareen A., Al Sukhni I., Aad P. Evaluation of growth performance and muscle marker genes expression in four different broiler strains in Jordan. *Italian Journal of Animal Science*. 2019; 18(1): 766–776. <https://doi.org/10.1080/1828051X.2019.1573647>
65. Lassiter K., Kong B.C., Piekarski-Welsher A., Dridi S., Bottje W.G. Gene Expression Essential for Myostatin Signaling and Skeletal Muscle Development Is Associated With Divergent Feed Efficiency in Pedigree Male Broilers. *Frontiers in Physiology*. 2019; 10: 126. <https://doi.org/10.3389/fphys.2019.00126>
66. Yalcin S., Ozkan S., Acar M.C., Meral O. The occurrence of deep pectoral myopathy in broilers and associated changes in breast meat quality. *British Poultry Science*. 2018; 59(1): 55–62. <https://doi.org/10.1080/00071668.2017.1401214>
67. Izadnia H.R., Tahmoorespur M., Bakhtiarzadeh M.R., Nassiri M., Esmaeilkhani S. Gene expression profile analysis of residual feed intake for Isfahan native chickens using RNA-SEQ data. *Italian Journal of Animal Science*. 2019; 18(1): 246–260. <https://doi.org/10.1080/1828051X.2018.1507625>
68. Chen F. *et al.* Transcriptome Analysis of Differentially Expressed Genes Related to the Growth and Development of the Jinghai Yellow Chicken. *Genes*. 2019; 10(7): 539. <https://doi.org/10.3390/genes10070539>
51. Wei C. *et al.* Divergent Regulatory Roles of Transcriptional Variants of the Chicken *LDB3* Gene in Muscle Shaping. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*. 2024; 72(21): 12240–12250. <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.4c00520>
52. Guerrero-Bosagna C., Skinner M.K. Environmentally induced epigenetic transgenerational inheritance of phenotype and disease. *Molecular and Cellular Endocrinology*. 2012; 354(1–2): 3–8. <https://doi.org/10.1016/j.mce.2011.10.004>
53. Dunislawski A., Slawinska A., Siwek M. Hepatic DNA Methylation in Response to Early Stimulation of Microbiota with *Lactobacillus* Synbiotics in Broiler Chickens. *Genes*. 2020; 11(5): 579. <https://doi.org/10.3390/genes11050579>
54. Sikorska M., Siwek M., Slawinska A., Dunislawski A. miRNA Profiling in the Chicken Liver under the Influence of Early Microbiota Stimulation with Probiotic, Prebiotic, and Synbiotic. *Genes*. 2021; 12(5): 685. <https://doi.org/10.3390/genes12050685>
55. Dunislawski A., Gryzinska M., Siwek M. Changes in the gene expression and methylation in chicken cecal tonsils after in ovo administration of bioactive substances. *Scientific Reports*. 2023; 13: 19840. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-47080-1>
56. Ibrahim M., Bednarczyk M., Stadnicka K., Grochowska E. Inter- and Transgenerational Effects of In Ovo Stimulation with Bioactive Compounds on Cecal Tonsils and Cecal Mucosa Transcriptomes in a Chicken Model. *International Journal of Molecular Sciences*. 2025; 26(3): 1174. <https://doi.org/10.3390/ijms26031174>
57. Alagawany M. *et al.* Betaine and related compounds: Chemistry, metabolism and role in mitigating heat stress in poultry. *Journal of Thermal Biology*. 2022; 104: 103168. <https://doi.org/10.1016/j.jtherbio.2021.103168>
58. Yu B. *et al.* Identification of key differentially methylated genes in regulating muscle development and intramuscular fat deposition in chickens. *International Journal of Biological Macromolecules*. 2024; 264(2): 130737. <https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2024.130737>
59. Florini J.R., Ewton D.Z., Coolican S.A. Growth Hormone and the Insulin-Like Growth Factor System in Myogenesis. *Endocrine Reviews*. 1996; 17(5): 481–517. <https://doi.org/10.1210/edrv-17-5-481>
60. Li R., Hu Y., Ni Y., Xia D., Grossmann R., Zhao R. Leptin stimulates hepatic activation of thyroid hormones and promotes early posthatch growth in the chicken. *Comparative Biochemistry and Physiology Part A: Molecular & Integrative Physiology*. 2011; 160(2): 200–206. <https://doi.org/10.1016/j.cbpa.2011.06.001>
61. Wu H., Xu T., Yang N., Zhang J., Xu S. Low-Se Diet Increased Mitochondrial ROS to Suppress Myoblasts Proliferation and Promote Apoptosis in Broilers via miR-365-3p/SeIT Signaling Axis. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*. 2024; 72(1): 284–299. <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.3c04406>
62. Kong B.-W. *et al.* RNA sequencing for global gene expression associated with muscle growth in a single male modern broiler line compared to a foundational Barred Plymouth Rock chicken line. *BMC Genomics*. 2017; 18: 82. <https://doi.org/10.1186/s12864-016-3471-y>
63. Mohammadabadi M., Bordbar F., Jensen J., Du M., Guo W. Key Genes Regulating Skeletal Muscle Development and Growth in Farm Animals. *Animals*. 2021; 11(3): 835. <https://doi.org/10.3390/ani11030835>
64. Jawasreh K., Al Athamneh S., Al-Zghoul M.B., Al Amareen A., Al Sukhni I., Aad P. Evaluation of growth performance and muscle marker genes expression in four different broiler strains in Jordan. *Italian Journal of Animal Science*. 2019; 18(1): 766–776. <https://doi.org/10.1080/1828051X.2019.1573647>
65. Lassiter K., Kong B.C., Piekarski-Welsher A., Dridi S., Bottje W.G. Gene Expression Essential for Myostatin Signaling and Skeletal Muscle Development Is Associated With Divergent Feed Efficiency in Pedigree Male Broilers. *Frontiers in Physiology*. 2019; 10: 126. <https://doi.org/10.3389/fphys.2019.00126>
66. Yalcin S., Ozkan S., Acar M.C., Meral O. The occurrence of deep pectoral myopathy in broilers and associated changes in breast meat quality. *British Poultry Science*. 2018; 59(1): 55–62. <https://doi.org/10.1080/00071668.2017.1401214>
67. Izadnia H.R., Tahmoorespur M., Bakhtiarzadeh M.R., Nassiri M., Esmaeilkhani S. Gene expression profile analysis of residual feed intake for Isfahan native chickens using RNA-SEQ data. *Italian Journal of Animal Science*. 2019; 18(1): 246–260. <https://doi.org/10.1080/1828051X.2018.1507625>
68. Chen F. *et al.* Transcriptome Analysis of Differentially Expressed Genes Related to the Growth and Development of the Jinghai Yellow Chicken. *Genes*. 2019; 10(7): 539. <https://doi.org/10.3390/genes10070539>

69. Li Z. *et al.* Profiles of expression pattern and tissue distribution of host defense peptides genes in different chicken (*Gallus gallus*) breeds related to body weight. *PLoS ONE*. 2020; 15(12): e0238675. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0238675>
70. Kocamis H., McFarland D.C., Killefer J. Temporal expression of growth factor genes during myogenesis of satellite cells derived from the biceps femoris and pectoralis major muscles of the chicken. *Journal of Cellular Physiology*. 2001; 186(1): 146–152. [https://doi.org/10.1002/1097-4652\(200101\)186:1<146::AID-JCP1014>3.0.CO;2-Q](https://doi.org/10.1002/1097-4652(200101)186:1<146::AID-JCP1014>3.0.CO;2-Q)
71. Zhang Z. *et al.* Small RNA sequencing of pectoral muscle tissue reveals microRNA-mediated gene modulation in chicken muscle growth. *Journal of Animal Physiology and Animal Nutrition*. 2020; 104(3): 867–875. <https://doi.org/10.1111/jpn.13312>
72. Zhang Y. *et al.* Transcriptome analysis of the pectoral muscles of local chickens and commercial broilers using Ribo-Zero ribonucleic acid sequencing. *PLoS ONE*. 2017; 12(9): e0184115. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0184115>
73. Bordini M., Soglia F., Davoli R., Zappaterra M., Petracci M., Meluzzi A. Molecular Pathways and Key Genes Associated With Breast Width and Protein Content in White Striping and Wooden Breast Chicken Pectoral Muscle. *Frontiers in Physiology*. 2022; 13: 936768. <https://doi.org/10.3389/fphys.2022.936768>
74. Mutryn M.F., Brannick E.M., Fu W., Lee W.R., Abasht B. Characterization of a novel chicken muscle disorder through differential gene expression and pathway analysis using RNA-sequencing. *BMC Genomics*. 2015; 16: 399. <https://doi.org/10.1186/s12864-015-1623-0>
75. Hu Y., Su J., Cheng L., Lan D., Li D. Pectoral muscle transcriptome analyses reveal high-altitude adaptations in Tibetan chickens. *Animal Biology*. 2020; 70(4): 385–400. <https://doi.org/10.1163/15707563-bja10026>
76. Du P. *et al.* *FKBP5* as a key regulator of metabolic processes in birds: Insights from chicken pectoral muscle. *Poultry Science*. 2025; 104(1): 104657. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2024.104657>
77. Torrella J.R., Fouces V., Fouces J., Viscor G. Capillarity and Fibre Types in Locomotory Muscles of Wild Yellow-Legged Gulls (*Larus cachinnans*). *Physiological Zoology*. 1998; 71(4): 425–434. <https://doi.org/10.1086/515425>
78. Xue Q., Zhang G., Li T., Ling J., Zhang X., Wang J. Transcriptomic profile of leg muscle during early growth in chicken. *PLoS ONE*. 2017; 12(3): e0173824. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0173824>
79. Yin X., Wu Y., Zhang S., Zhang T., Zhang G., Wang J. Transcriptomic profile of leg muscle during early growth and development in Haiyang yellow chicken. *Archives Animal Breeding*. 2021; 64(2): 405–416. <https://doi.org/10.5194/aab-64-405-2021>
80. Wu P. *et al.* Transcriptome profile analysis of leg muscle tissues between slow- and fast-growing chickens. *PLoS ONE*. 2018; 13(11): e0206131. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0206131>
81. He M. *et al.* Transcriptome analysis of leg muscles in fast and slow growth Bian chickens. *Animal Biotechnology*. 2020; 31(4): 295–305. <https://doi.org/10.1080/10495398.2019.1588129>
82. Millington G.W.M. The role of proopiomelanocortin (POMC) neurones in feeding behaviour. *Nutrition & Metabolism*. 2007; 4: 18. <https://doi.org/10.1186/1743-7075-4-18>
83. Yuan L., Ni Y., Barth S., Wang Y., Grossmann R., Zhao R. Layer and broiler chicks exhibit similar hypothalamic expression of orexigenic neuropeptides but distinct expression of genes related to energy homeostasis and obesity. *Brain Research*. 2009; 1273: 18–28. <https://doi.org/10.1016/j.brainres.2009.03.052>
84. Piórkowska K. *et al.* Identification of candidate genes and regulatory factors related to growth rate through hypothalamus transcriptome analyses in broiler chickens. *BMC Genomics*. 2020; 21: 509. <https://doi.org/10.1186/s12864-020-06884-5>
85. Sun H. *et al.* Transcriptome responses to heat stress in hypothalamus of a meat-type chicken. *Journal of Animal Science and Biotechnology*. 2015; 6: 6. <https://doi.org/10.1186/s40104-015-0003-6>
86. Tu W.-L. *et al.* Profiling of differential gene expression in the hypothalamus of broiler-type Taiwan country chickens in response to acute heat stress. *Theriogenology*. 2016; 85(3): 483–494.e8. <https://doi.org/10.1016/j.theriogenology.2015.09.028>
87. Fang X.-L. *et al.* Differential gene expression pattern in hypothalamus of chickens during fasting-induced metabolic reprogramming: Functions of glucose and lipid metabolism in the feed intake of chickens. *Poultry Science*. 2014; 93(11): 2841–2854. <https://doi.org/10.3382/ps.2014-04047>
69. Li Z. *et al.* Profiles of expression pattern and tissue distribution of host defense peptides genes in different chicken (*Gallus gallus*) breeds related to body weight. *PLoS ONE*. 2020; 15(12): e0238675. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0238675>
70. Kocamis H., McFarland D.C., Killefer J. Temporal expression of growth factor genes during myogenesis of satellite cells derived from the biceps femoris and pectoralis major muscles of the chicken. *Journal of Cellular Physiology*. 2001; 186(1): 146–152. [https://doi.org/10.1002/1097-4652\(200101\)186:1<146::AID-JCP1014>3.0.CO;2-Q](https://doi.org/10.1002/1097-4652(200101)186:1<146::AID-JCP1014>3.0.CO;2-Q)
71. Zhang Z. *et al.* Small RNA sequencing of pectoral muscle tissue reveals microRNA-mediated gene modulation in chicken muscle growth. *Journal of Animal Physiology and Animal Nutrition*. 2020; 104(3): 867–875. <https://doi.org/10.1111/jpn.13312>
72. Zhang Y. *et al.* Transcriptome analysis of the pectoral muscles of local chickens and commercial broilers using Ribo-Zero ribonucleic acid sequencing. *PLoS ONE*. 2017; 12(9): e0184115. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0184115>
73. Bordini M., Soglia F., Davoli R., Zappaterra M., Petracci M., Meluzzi A. Molecular Pathways and Key Genes Associated With Breast Width and Protein Content in White Striping and Wooden Breast Chicken Pectoral Muscle. *Frontiers in Physiology*. 2022; 13: 936768. <https://doi.org/10.3389/fphys.2022.936768>
74. Mutryn M.F., Brannick E.M., Fu W., Lee W.R., Abasht B. Characterization of a novel chicken muscle disorder through differential gene expression and pathway analysis using RNA-sequencing. *BMC Genomics*. 2015; 16: 399. <https://doi.org/10.1186/s12864-015-1623-0>
75. Hu Y., Su J., Cheng L., Lan D., Li D. Pectoral muscle transcriptome analyses reveal high-altitude adaptations in Tibetan chickens. *Animal Biology*. 2020; 70(4): 385–400. <https://doi.org/10.1163/15707563-bja10026>
76. Du P. *et al.* *FKBP5* as a key regulator of metabolic processes in birds: Insights from chicken pectoral muscle. *Poultry Science*. 2025; 104(1): 104657. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2024.104657>
77. Torrella J.R., Fouces V., Fouces J., Viscor G. Capillarity and Fibre Types in Locomotory Muscles of Wild Yellow-Legged Gulls (*Larus cachinnans*). *Physiological Zoology*. 1998; 71(4): 425–434. <https://doi.org/10.1086/515425>
78. Xue Q., Zhang G., Li T., Ling J., Zhang X., Wang J. Transcriptomic profile of leg muscle during early growth in chicken. *PLoS ONE*. 2017; 12(3): e0173824. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0173824>
79. Yin X., Wu Y., Zhang S., Zhang T., Zhang G., Wang J. Transcriptomic profile of leg muscle during early growth and development in Haiyang yellow chicken. *Archives Animal Breeding*. 2021; 64(2): 405–416. <https://doi.org/10.5194/aab-64-405-2021>
80. Wu P. *et al.* Transcriptome profile analysis of leg muscle tissues between slow- and fast-growing chickens. *PLoS ONE*. 2018; 13(11): e0206131. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0206131>
81. He M. *et al.* Transcriptome analysis of leg muscles in fast and slow growth Bian chickens. *Animal Biotechnology*. 2020; 31(4): 295–305. <https://doi.org/10.1080/10495398.2019.1588129>
82. Millington G.W.M. The role of proopiomelanocortin (POMC) neurones in feeding behaviour. *Nutrition & Metabolism*. 2007; 4: 18. <https://doi.org/10.1186/1743-7075-4-18>
83. Yuan L., Ni Y., Barth S., Wang Y., Grossmann R., Zhao R. Layer and broiler chicks exhibit similar hypothalamic expression of orexigenic neuropeptides but distinct expression of genes related to energy homeostasis and obesity. *Brain Research*. 2009; 1273: 18–28. <https://doi.org/10.1016/j.brainres.2009.03.052>
84. Piórkowska K. *et al.* Identification of candidate genes and regulatory factors related to growth rate through hypothalamus transcriptome analyses in broiler chickens. *BMC Genomics*. 2020; 21: 509. <https://doi.org/10.1186/s12864-020-06884-5>
85. Sun H. *et al.* Transcriptome responses to heat stress in hypothalamus of a meat-type chicken. *Journal of Animal Science and Biotechnology*. 2015; 6: 6. <https://doi.org/10.1186/s40104-015-0003-6>
86. Tu W.-L. *et al.* Profiling of differential gene expression in the hypothalamus of broiler-type Taiwan country chickens in response to acute heat stress. *Theriogenology*. 2016; 85(3): 483–494.e8. <https://doi.org/10.1016/j.theriogenology.2015.09.028>
87. Fang X.-L. *et al.* Differential gene expression pattern in hypothalamus of chickens during fasting-induced metabolic reprogramming: Functions of glucose and lipid metabolism in the feed intake of chickens. *Poultry Science*. 2014; 93(11): 2841–2854. <https://doi.org/10.3382/ps.2014-04047>

88. Badakhshan Y., Roudbari Z. The changes in hypothalamic mRNA transcription of genes related to behavior and feeding in incubating and laying hens: based on RNAseq Data. *Journal of Epigenetics*. 2024; 5(1): 32–40.
<https://doi.org/10.22111/jep.2024.47868.1067>

ОБ АВТОРАХ

Артем Павлович Дысин

младший научный сотрудник

artemdysin@mail.ru

<https://orcid.org/0000-0002-4468-0365>

Ольга Юрьевна Баркова

кандидат биологических наук, старший научный сотрудник

<https://orcid.org/0000-0002-0963-905X>

barkoffws@list.ru

Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных — филиал Федерального государственного бюджетного научного учреждения Федеральный исследовательский центр животноводства — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста, Московское шоссе, 55А, Пушкин, Санкт-Петербург, 196625, Россия

88. Badakhshan Y., Roudbari Z. The changes in hypothalamic mRNA transcription of genes related to behavior and feeding in incubating and laying hens: based on RNAseq Data. *Journal of Epigenetics*. 2024; 5(1): 32–40.
<https://doi.org/10.22111/jep.2024.47868.1067>

ABOUT THE AUTHORS

Artyom Pavlovich Dysin

Junior Researcher

artemdysin@mail.ru

<https://orcid.org/0000-0002-4468-0365>

Olga Yurievna Barkova

Candidate of Biological Sciences, Senior Researcher

<https://orcid.org/0000-0002-0963-905X>

barkoffws@list.ru

Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding — Branch of L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry,

55A Moskovskoe highway, Pushkin,
St. Petersburg, 196625, Russia