СПИСЪК НА РЕЗЮМЕТА НА НАУЧНИ ПУБЛИКАЦИИ

на гл. ас. д-р Радостина Петрова Стойкова-Григорова
Институт по животновъдни науки - Костинброд
отдел „Генетика, развъждане и репродукция“
във връзка с участие в конкурс, обявен в ДВ, бр. 101 от 29.11.2024г. за заемане на академична длъжност „Доцент“ професионално направление 6.3. Животновъдство по научна специалност „Развъждане на селскостопанските животни, биология и биотехника на размножаването“

В.4. Хабилитационен труд - научни публикации (не по-малко от 10) в издания, които са реферирани и индексирани в световноизвестни бази данни с научна информация

4.1 Стойков П., С. Симеонова, З. Николов, Т. Савова, Р. Петрова. 2006. Ефект от добавката на млечнокисели продукти съдържащи щамовете Lactobacillus casei, Lactobacillus acidophilus и Bifidobacterium bifidum в дажбата на телета бозаиници върху физиологичното и тегловното им състояние. Животновъдни науки, 2:15-19. ISSN 0514-7441 **https://www.webofscience.com/wos/cabi/full-record/CABI:20083012316**
Research and production experiment was carried out with four groups of 11 calves of 10-15 days of age which were reared in individual boxes on an open air for 60 days. The aim of the study was to determine the influence of the acid lactic becteria - Lactobacillus casei, Lactobacillus acidophilus, and Bifidobacterium bifidum included in the form of acid lactic product in the ration of the suckling calves after the collastrum period on their physiological condition. It was found that the calves which received acid lactic bacteria with probiotic features in addition to the full fatty milk formed an non specific resistance of the organism. It was observed by the higher content of immunoglobulines with 472 mg%, 333 mg5 and 362 mg% and of the haemoglobine with 1,64%, 0,63% and 0,86% respectively for the I, II and III group compared to the control IV group. These data explain well the tendency for less sick (lower illness in the) calves, higher gain with 14,42%, 4,70% and 8,42% respectively for I, II and III group which rations contained strains of Lactobacillus casei, Lactobacillus acidophilus, and Bifidobacterium bifidum. Food utilization was also better for I, II and III group with 17,66%, 4,80% and 8,38% compared to the control IV group.
Проведен е научно-производствен опит с четири групи от по 11 телета, на 10-15 дневна възраст, отглеждани в индивидуални боксове на открито в продължение на 60 дни. Целта на изследването е да се установи влиянието на млечнокиселите бактерии - Lactobacillus casei, Lactobacillus acidophilus и Bifidobacterium bifidum, включени под формата на млечнокисел продукт, в дажбата на телетата бозаещи след колострален период, върху тяхното физиологично състояние. Установено е, че телетата, които освен пълномасленото мляко са приемали млечнокисели бактерии с пробиотични свойства, формират неспецифична резистентност на организма. Наблюдава се по-високото съдържание на имуноглобулини с 472 mg%, 333 mg5 и 362 mg% и на хемоглобин с 1,64%, 0,63% и 0,86% съответно за I, II и III група в сравнение с контролната IV група. Тези данни обясняват добре тенденцията за по-малко болни (по-слабо заболяване) при телета, по-висок прираст с 14,42%, 4,70% и 8,42% съответно за I, II и III група, чиито дажби съдържат щамове на Lactobacillus casei, Lactobacillus acidophilus и Bifidobacterium

bifidum. Усвояването на храната също е по-добро за I, II и III група със 17,66%, 4,80% и 8,38% в сравнение с контролната IV група.

4.2 Стойкова, Р., Н. Колушев, Д. Василева, К. Цочева, Т. Колушева. 2008. Съдържание на киселинноразтворими (свободни) нуклеотиди в тъкани и органи на телета от породите Черношарена и Българска Кафява. I. Киселинноразтворими нуклеотиди в черен дроб. Животновъдни науки, 3:106-114. ISSN 0514-7441
https://www.webofscience.com/wos/cabi/full-record/CABI:20093155376

Eighteen acid-souble (free) nucleotides in the liver of calves from the Black-White and Bulgarian Brown cattle breeds were found by two-way paper chromatography method. The quantity of adenosine- and guanodine- diphoshate nucleotides is significant higher ($p< 0.05$) in comparison with that of three and monophosphate nucleotides in the both examined breed. Total quantity of adenosine and guanodine nucleotides is significant higher ($p< 0.001$) in the liver of the calves from Bulgarian Brown breed, in comparison with that quantity of the calves from Black-White breed.

It was established that quantity of uridine three nucleotid was significant ($p< 0.05$) higher in comprison with the quantity of diphosphate and monophoshate nucleotides in the liver of the calves in the both examined breed. The quantity of uridine monophosphate nucleotid is significant lower ($p< 0.05$) in comparison with that of three and diphosphate nucleotides in the liver of the calves in the both examined breed. Total quantity of uridine nucleotides is significant higher ($p< 0.001$) in the liver of the calves from Bulgarian Brown breed in comparison with that of the calves from Black-White breed.

It was found that quantity of the uridin diphosphate-sugars is significant higher ($p< 0.001$) in the liver of the calves from Bulgarian Brown breed, in comparison with that of the calves from Black-White breed.

It was found that quantity of the NAD is significant higher ($p< 0.001$, $p< 0.01$),
in comparison with that of the NADP in the liver of the calves in the both examined breed. The quantity of NAD and NADP is significant higher ($p< 0.01$, $p< 0.001$) in the liver of the calves from Bulgarian Brown breed, in comparison with that of the calves from Black-White breed.

Метода на двупосочна хартиена хроматография е приложен за откриване на 18 киселинноразтворими (свободни) нуклеотиди в черния дроб на телета от породите Черношарено и Българско кафяво говедо. Количеството на аденозин- и гуанодин-дифосфатните нуклеотиди е значително по-високо ($p<0,05$) в сравнение с това на три и монофосфатните нуклеотиди и при двете изследвани породи. Общото количество на аденозин и гуанодин нуклеотиди е значително по-високо ($p< 0.001$) в черния дроб на телета от Българската кафява порода, в сравнение с това количество при телета от Черношарената порода.

Установено е, че количеството на уридин три нуклеотида е значително ($p<0,05$) по-високо в сравнение с количеството на дифосфатните и монофосфатните нуклеотиди в черния дроб на телетата и при двете изследвани породи. Количеството на уридинмонофосфатния нуклеотид е значително по-ниско ($p<0,05$) в сравнение с това на три и дифосфатния нуклеотид в черния дроб на телетата и при двете изследвани породи. Общото количество на уридинови нуклеотиди е значително по-високо ($p<0.001$) в черния дроб на телетата от Българска кафява порода в сравнение с това на телетата от Черношарена порода.

Установено е, че количеството на уридиндифосфат-захарите е значително по-високо (p< 0.001) в черния дроб на телетата от Българска кафява порода, в сравнение с това на телетата от Черношарена порода.
Установено е, че количеството на NAD е значително по-високо (p<0.001, p<0.01), в сравнение с това на NADP в черния дроб на телетата и при двете изследвани породи. Количеството на NAD и NADP е значително по-високо (p< 0.01, p< 0.001) в черния дроб на телетата от Българска кафява порода, в сравнение с това на телетата от Черношарена порода.

4.3 Колушев, Н., Д. Василева, К. Цочева, Р. Стойкова, Т. Колушева. 2008. Съдържание на киселинноразтворими (свободни) нуклеотиди в тъкани и органи на телета от породите Черношарена и Българска Кафява. II. Киселинноразтворими нуклеотиди в бял дроб. Животновъдни науки, 3:115-122. ISSN 0514-7441
https://www.webofscience.com/wos/cabi/full-record/CABI:20093155377

Sixteen acid-souble (free) nucleotides in the lung of calves from the Black-White and Bulgarian Brown cattle breeds were found by two-way paper chromatography method. The quantity of adenosine- and guanodine- diphoshate nucleotides is significant higher (p< 0.001) in comparison with that of three and monophosphate nucleotides in the both examined breed. Total quantity of adenosine and guanodine nucleotides is significant higher (p< 0.001) in the lung of the calves from Black-White breed, in comparison with that quantity of the calves from Bulgarian Brown breed.
It was established that quantity of uridine monophoshate nucleotid was significant (p< 0.001) higher in comprison with the quantity of three and diphosphate nucleotides in the lung of the calves from Black- White breed. The quantity of uridine diphosphate nucleotid is significant lower (p< 0.05) in comparison with that of three and monophosphate nucleotides in the lung of the calves for Bulgarian Brown breed. Total quantity of uridine nucleotides is significant higher (p< 0.001) in the lung of the calves from Black-White breed in comparison with that of the calves from Bulgarian Brown breed.
It was found that quantity of the uridin diphosphate-sugars is significant higher (p<0.05 , p< 0.001) in the lung of the calves from Black-White breed, in comparison with that of the calves from Bulgarian Brown breed.

Метода на двупосочна хартиена хроматография е приложен за откриване на 16 киселинноразтворими (свободни) нуклеотиди в белия дроб на телета от породите Черношарено и Българско кафяво говедо. Количеството на аденозин- и гуанодин-дифосфатните нуклеотиди е значително по-високо (p<0,001) в сравнение с това на три и монофосфатните нуклеотиди и при двете изследвани породи. Общото количество на аденозин и гуанодин нуклеотиди е значително по-високо (p<0,001) в белия дроб на телета от Черношарена порода, в сравнение с това количество на телета от Българска кафява порода.
Установено е, че количеството на уридин монофосфатния нуклеотид е значително (p<0,001) по-високо в сравнение с количеството на три и дифосфатния нуклеотид в белия дроб на телетата от Черношарата порода. Количеството на уридиндифосфат нуклеотида е значително по-ниско (p<0.05) в сравнение с това на три и монофосфат нуклеотида в белия дроб на телета от Българска кафява порода. Общото количество на уридиновите нуклеотиди е значително по-високо (p<0.001) в белия дроб на телета от Черношарената порода в сравнение с това на телетата от Българската кафява порода.
Установено е, че количеството на уридиндифосфат-захарите е значително по-високо (p<0.05 , p<0.001) в белия дроб на телетата от Черношарената порода, в сравнение с

с това на телетата от Българска кафява порода.

4.4 Колушев, Н., Д. Василева, К. Цочева, Р. Стойкова, Т. Колушева. 2008. Съдържание на киселинноразтворими (свободни) нуклеотиди в тъкани и органи на телета от породите Черношарена и Българска Кафява. III. Киселинноразтворими нуклеотиди в бъбрек. Животновъдни науки, 3:123-131. ISSN 0514-7441
https://www.webofscience.com/wos/cabi/full-record/CABI:20093155378

Nineteen acid- soluble (free) nucleotides, two mononucleotides and one unidentified nucleotid, in the kidney of calves from the Black- White and Bulgarian Brown cattle breeds were found by two- way paper chromatography method. The quantity of three nucleotides is significant higher ($p<0.001$) in comparison with that of di- and monophosphate nucleotides in the both examined breed. Total quantity of adenosine and guanodine nucleotides is significant higher ($p<0.001$) in the kidney of the calves from Bulgarian Brown breed, in comparison with that quantity of the calves from Black-White breed.
It was established that quantity of uridine three phosphate nucleotides was significant ($p<0.001$) higher, in comparison with the quantity of di- and monophosphate nucleotides in the both examined breed.
The quantity of NAD was significant ($p<0.001$) higher, in comparison with the quantity of NADP in the both examined breed.

Деветнадесет киселинноразтворими (свободни) нуклеотиди, два мононуклеотида и един неидентифициран нуклеотид, са открити в бъбрека на телета от породите Черно-шарени и Българско кафяви говеда, чрез метода на двупосочна хартиена хроматография. Количеството на тринуклеотидите е значително по-високо ($p<0,001$) в сравнение с това на ди- и монофосфатните нуклеотиди и при двете изследвани породи.
Общото количество на аденозин и гуанодин нуклеотидите е значително по-високо ($p<0,001$) в бъбрека на телета от Българска кафява порода, в сравнение с това количество на телета от Черно-шарена порода.
Установено е, че количеството на уридин трифосфатните нуклеотиди е значимо ($p<0,001$) по-високо в сравнение с количеството на ди- и монофосфатните нуклеотиди и при двете изследвани породи.
Количеството NAD е значимо ($p<0.001$) по-високо в сравнение с количеството NADP и при двете изследвани породи.

4.5 Стойков П, В. Гайдарска, Ц. Харизанова, Т. Иванова, Р. Стойкова. 2011. Проучване възрастта на отбиване върху тегловното развитие на бичета от породата Българска сименталска порода, Животновъдни науки, XLVIII, 5, 11 – 16. ISSN 0514-7441 (Print) ISSN 2534-9856 (On-line)
https://www.webofscience.com/wos/cabi/full-record/CABI:20123217402

The objective of the study was to determinate the impact of weaning age on weight development, growth and feed for 1 kg gain (growth) in calves from the Bulgarian Simmental breed, fattened to 700 kg live weight. Two groups with 12 calves in each were formed. Calves from group I were weaned at the age of 3 months, while those from group II were sucking from their mothers until 7 months of age. It was found that the intensity of growth of the animals was significantly higher in calves sucking to 7 months of age and they have achieved significantly higher average daily gain with 18.81%, ($P<0.01$) compared to the control group which has realized an average daily gain of 1139 g. for 90-day period. As a result of weaning, which usually causes stress, calves from the second group decreased rate of weight development, but at 12 months of age the average live mass was with 12.44% higher (448.62

against 399.00), compared to the analogues from the first group, weaned at 3 months of age and the differences for live weight and daily gain were significant (P<0.05 and P<0.01). All data were statistically processed.

Целта на изследването е да се установи влиянието на възрастта на отбиване върху тегловното развитие, растежа и разхода на фураж за 1 kg прираст при телета от породата Българско симменталско говедо, угоени до 700 kg живо тегло. Сформирани са две групи по 12 телета във всяка. Телетата от I група са отбити на 3-месечна възраст, а тези от II-ра група сучат от майките си до 7-месечна възраст. Установено е, че интензивността на растеж е значително по-висока при телетата, които бозаят до 7-месечна възраст и те са постигнали значително по-висок среден дневен прираст с 18,81%, (P<0,01) в сравнение с контролната група, която е реализирала среден дневен прираст 1139гр. за 90-дневен период. В резултат на отбиването, което обикновено предизвиква стрес, телетата от втора група намаляват скоростта на тегловното си развитие, но на 12-месечна възраст средната жива маса е с 12,44% по-висока (448,62 срещу 399,00), в сравнение с аналозите от групата, отбити на 3-месечна възраст и разликите за живо тегло и седният дневен прираст са значителни (P<0,05 и P<0,01).

4.6 Balkanska, R., K. Stefanova, R. Stoikova–Grigorova, 2020. Main honey botanical components and techniques for identification: a review. Journal of Apicultural Research, 59, 852–861. ISSN: 0021-8839 (Print) 2078-6913 (Online)
https://www.webofscience.com/wos/woscc/full-record/WOS:000540123800001

Honey is a natural product which is highly consumed due to its health benefits. Monofloral honeys which are produced mainly from the nectar of single plant species are known as high quality products and they have higher market price. The development and improvement of novel techniques for honey botanical identification is widely discussed. Honey botanical identification is a subject to melissopalynological, chemical (determination of amino acids and proteins, sugars, aroma compounds, mineral elements) and DNA-based techniques. The combination of different analytical methods for honey botanical identification will guarantee the high quality of the product and the absence of pollen from plants producing toxins. New methods and further studies on chemical markers and DNA-based techniques are needed for honey botanical identification. This study is necessary because it summarizes the main components which relate to the botanical origin of honey. This review gives a brief outline of the current information on the main components for determination and DNA-based techniques for honey botanical identification

Медът е натурален продукт, който се консумира много поради своите ползи за здравето. Монофлорните медове, които се произвеждат предимно от нектара на единични растителни видове, са известни като висококачествени продукти и имат по-висока пазарна цена. Разработването и усъвършенстването на нови техники за ботаническа идентификация на меда е широко дискутирано. Ботаническата идентификация на меда е предмет на мелисопалинологични, химични (определяне на аминокиселини и протеини, захари, ароматни съединения, минерални елементи) и базирани на ДНК подходи. Комбинацията от различни аналитични методи за ботаническа идентификация на меда ще гарантира високото качество на продукта и липсата на цветен прашец от растения, произвеждащи токсини. Необходими са нови методи и по-нататъшни изследвания на маркери и техники, базирани на ДНК, за ботаническа идентификация на меда. Това изследване обобщава основните компоненти, които се отнасят до ботаническия произход на меда и дава кратко описание на текущата информация за основните подходи за ботаническа идентификация на меда.

4.7 Lukanova, N., R. Stoykova-Grigorova; K. Stefanova. 2018. DMRT3 gene mutation and higly linked SNP in gaitedness horses breeds. Bulgarian journal of agricultural science. 24, (4):679–685. ISSN 1310-0351 (Print) ISSN 2534-983X (On-line)
https://www.webofscience.com/wos/woscc/full-record/WOS:000448988600021

The DMRT3 mutation has had a major effect on the diversification of the domestic horse, as the altered gait characteristics of a number of breeds, including this mutation. Doublesex and mab-3 related transcription factor 3 (DMRT3) gene shown that a mutation from cytosine (C) to adenine (A) has a major impact on harness racing performance of different breeds. The DMRT3 mutant allele (A) has been found in high frequency in gaited breeds and breeds bred for harness racing (trot or pace), while other horse breeds were homozygous for the wild-type allele (C). The heterozygous allele (CA) were found in horse breeds for harness racing and four- and five-gaited breeds. Sequncing at SNP BIEC2-620109 resulted in detection of both heterozygous (CT) and homozygous genotypes (CC, TT). Mutation in DMRT3 has a major impact on gaitedness in horses and is presented at a high frequency in gaited breeds and in horses breed for harness racing. The aim of the study is to describe the effect of the DMRT3 gene mutation and higly linked SNP in different gaited and harness horse breeds.

Мутацията на DMRT3 гена има значителен ефект върху диверсификацията на домашните коне, като променения характеристиките на походката. Генотипирането на DMRT3 показва, че мутация на цитозин (C) в аденин (A) има голямо влияние върху представянето на конете в състезания с впряг. Мутантният алел DMRT3 (A) е открит с висока честота при породи, отглеждани за състезания с впряг (тръс или темп), докато другите породи коне са хомозиготни по алела от див тип (C). Хетерозиготният генотип (CA) е открит при породи коне за състезания с впряг и породи с четири и пет хода. Секвенирането при SNP BIEC2-620109 е довело до откриване както на хетерозиготни (CT), така и на хомозиготни генотипове (CC, TT). Мутацията в локуса на DMRT3 има голямо влияние върху походката при конете и се представя с висока честота при породите коне за състезания с впряг. Целта на изследването е да се опише ефектът от мутацията на гена DMRT3 и свързания SNP при различни породи коне.

4.8 Ivanova, T., R. Stoikova-Grigorova, M. Bozhilova-Sakova, M. Ignatova, I. Dimitrova, V. Koutev. 2021. Phenotypic and genetic characteristics of fecundity in sheep. A review. Bulgarian journal of agricultural science, 27 (5), 1002–1008. ISSN 1310-0351 (Print) ISSN 2534-983X (On-line)
https://www.webofscience.com/wos/woscc/full-record/WOS:000734174900024

The phenotypic characteristics of animals are result of the complex interaction of a number of genetic and non-genetic factors, which usually act simultaneously and it is difficult to determine the degree of influence of each of them. Early identification of the genetic traits of individuals enables more efficient management of selection. Fertility determins the cost-effectiveness of sheep farming, regardless of productive direction. The individual fertility of the animals is determined by the number of lambs born per sheep. This trait is characterized by a low inheritance rate, hence conventional breeding methods shows slow progress. The introduction of new molecular-based technologies to improve productivity contributes to a greater and faster effect on the realization of animal genetic resources. The assessment of the breeding value of animals at the earliest possible age makes it possible to maximize the effect of the selection and to increase the use of animals with the highest genetic potential. The molecular markers and the application of RFLP-PCR method allow the determination of allelic variants of genes related to the quantity and quality of animal productivity. By identifying the different polymorphic variations and their phenotypic manifestation, a

database can be accumulated to manage the genetic progression of economically important traits. Many mutations have been found in sheep that affect fertility and ovulation rates to varying degrees. Large number of mutations which affects ovulation have been found in genes expressing different proteins, such as the BMPR1B or FecB (Booroola gene or the bone morphogenetic protein receptor type 1B), GDF9 or FecG (the growth differentiation factor 9b) and BMP15 or FecX (a bone morphogenetic protein 15)

Фенотипните особености при животните са резултат от сложното взаимодействие на редица генетични и негенетични фактори, които обикновено действат едновременно и е трудно да се определи степента на влияние на всеки от тях. Ранното установяване на генетичните заложби на индивидите дава възможност за по-ефективно управление на селекцията. Плодовитостта е основен фактор определящ икономическата ефективност в овцевъдството независимо от продуктивното направление. Индивидуалната плодовитост на животните се определя от броя на родените агнета от една овца майка. Този признак се характеризира с нисък коефициент на унаследяемост, поради което селекцията чрез класически методи води до бавен напредък. Въвеждането на нови молекулярно базирани технологии за подобряване на продуктивността допринася за по-голям и бърз ефект при реализирането на генетичните заложби на животните. Оценката на развъдната стойност на животните извършена във възможно най-ранна възраст дава възможност да се постигне максимален ефекг от селекцията и своевременното интензивно използване на животните с най-високи генетични заложби. Молекулярните маркери и използването на RFLP-PCR метода позволяват определяне на алелните състояния на гените свързани с количеството и качеството на продуктивността на животните. С установяване на различните полиморфни вариации и тяхното фенотипно проявление могат да се натрупат база данни за управление на генетичния прогрес на икономически важни признаци. При овцете са открити много мутации, които влияят в различна степен върху плодовитостта и скоростта на овулацията. Мутациите, имащи големи ефекти върху овулацията са открити в гените, експресиращи различни протеини, като BMPR1B или FecB (костния морфогенетичен протеинов рецептор тип 1B – Booroola ген), GDF9 или FecG (фактор на диференация на растежа 9b) и BMP15 или FecX (костен морфогенетичен протеин 15).

4.9 Eneva, K., A. Apostolov, R. Nedeva, A. G. Atanasov, B. Szostak, R. Stoikova. 2021. Influence of MC4R mutations in traits of tested Danube white purebred pigs. Bulgarian journal of agricultural science, 27 (2) 2021, 374–378. ISSN 1310-0351 (Print) ISSN 2534-983X (On-line)
https://www.webofscience.com/wos/woscc/full-record/WOS:000658242900019

Restriction analysis (restriction fragment length polymorphism, RFLP) for establishing of MC4R polymorphisms with 8. Danube white purebred pigs was carried out. Genotypes and alleles frequencies of MC4R gene were classified as follows: the number of heterozygous animals MC4RAB -72.8% was the highest one and significantly lower for both homozygous genotypes 12.3-14.8%. The allele frequencies – MC4RA and MC4RB were close as the difference from 5.04% was in advantage for favorable MC4RB alleles. It was established that as a result of the mutation of Asp298Asn pigs with genotype MC4RBB exceeded animals of the other genotypes as the differences for the following traits: back fat at point X2, meat content and back fat MLD were significant ($P \leq 0.05$). The present study conducted with pigs from the Danube white breed gives us reason to assert that the MC4R gene can be used as a reliable genetic marker for the selection of fattening and carcass traits measured during the testing period of 90 kg live weight.

Извършен е рестрикционен анализ (полиморфизъм по дължината на рестрикционните фрагменти, RFLP) за установяване на полиморфизми на MC4R при свине от Дунавска бяла порода. Честотите на генотиповете и алелите на гена MC4R са определени както следва: броят на хетерозиготните животни MC4RAB -72,8% е най-висок, докато двата хомозиготни генотипа са със значително по-нисък процент - 12,3 и 14,8%. Честотите на алелите – MC4RA и MC4RB са близки, но разликата от 5,04% дава предимство на благоприятните алели MC4RB. Установено е, че в резултат на мутацията на Asp298Asn прасета с генотип MC4RBB превъзхождат животните от останалите генотипове по отношение на фенотипните показатели, като разликите при признаците гръбна тлъстина в точка X2, месо и гръбна тлъстина MLD са значими ($P \leq 0.05$). Настоящото изследване, проведено със свине от Дунавска бяла порода, ни дава основание да твърдим, че генът MC4R може да се използва като надежден генетичен маркер за селекция на угоителни и кланични признаци, измерени при 90 kg живо тегло.

4.10 R. Balkanska, K. Stefanova, R. Stoikova–Grigorova, D. Gerginova, S. Simova, I. Atanassov. 2023. Assessment of the botanical origin of Bulgarian honey samples using melissopalynological, DNA barcoding and NMR analyses. Botanica Serbica, 47 (1): 75–85. ISSN - 2683-3867
https://www.webofscience.com/wos/woscc/full-record/WOS:000978790600009

Polyfloral honey samples from Bulgaria were subject to parallel analyses of their botanical origin and composition using traditional melissopalynology, DNAbarcoding based on the plastid rbcL gene and NMR analysis. The obtained datasets were compared with each other to evaluate the information capacity of the applied experimental methods. The results from the melissopalynological and DNA-barcoding studies demonstrated a significantly higher resolution of the latter, revealing the presence of pollen from a total of 17 plant families, 21 plant genera and 5 plant species in comparison to pollen from only 7 plant families, 3 plant genera and 4 plant species identified by melissopalynology. The higher resolution of DNA barcoding allows a more detailed characterisation of the diet and foraging preferences of honey bees, including foraging on plant species growing in lower abundance in the area. The comparison of the quantitative data on floral honey composition for several plant genera and species reveals significant differences between the relative abundance of the pollen grains estimated by melissopalynological analysis and the relative abundance of rbcL clones in rbcL libraries determined after DNA barcoding. All three applied methods confirm the polyfloral botanical origin of the analysed samples and support routine NMR use for the assessment of the floral origin of honey.

Анализирани са проби от български полифлорен мед. Оценен е ботаническия произход и състав, чрез методите традиционна мелисопалинология, ДНК баркодиране на базата на пластидния rbcL ген и NMR анализ. Получените данни са сравнени, за да се оцени информационният капацитет на прилаганите експериментални методи. Резултатите от ДНК баркодирането са със значително по-висока ефективност и показват наличието на цветен прашец от общо 17 растителни семейства, 21 растителни рода и 5 вида растения в сравнение с намерения прашец от само 7 семейства растения, 3 растителни рода и 4 растителни вида, идентифицирани от мелисопалинологията.
ДНК баркодирането позволява по-подробно характеризиране на предпочитанията за хранене на медоносните пчели, включително и с растителни видове, които са слабо разпространени в района. Сравнението на количествените данни за състава на меда разкрива значителни разликите между изобилието на поленовите зърна, оценени от мелисопалинологичен анализ и изобилието на rbcL клонове в rbcL библиотеките, определени след ДНК баркодиране. И трите приложени метода потвърждават

полифлорфния ботанически произход на анализираните проби и подкрепят рутинната употреба на NMR за оценка на произхода на меда.

Г.7. - Статии и доклади публикувани в научни издания, реферирани и индексирани в световни бази данни

7.1. Симеонова С., П. Стойков, В. Гайдарска, Р. Петрова. 2006. Влияние на храненето на женски телета за разплод през разтежния период върху тегловното развитие, млечната продуктивност и репродуктивната способност. I Тегловно развитие, възраст и жива маса при първо разгонване и запложданe. Животновъдни науки, 6:3-7. ISSN 0514-7441
https://www.webofscience.com/wos/cabi/full-record/CABI:20083284179

The experiment was carried out with three groups each of 21 female breeding calves from the Bulgarian Simmen- tal breed. The aim was to determine the effect of feeding level upto 18 months of age on the weight and age at first estrus and first conception of the calves. The ration ensured was for average daily gain of 500 g (I group), 600 g (II group), and 700 g (III group).
It was found that the intensively fed calves of the III group had high average daily gain of 716g and reached at 18 months to 428.7 kg of live mass and feed utilization of 7.0 NU for 1 kg gain. The calves of the II group with normal feeding and of the I group with low feeding had at the same age lower live mass with 53.8kg and 100.0kg respectively and higher expenditure of NU per 1kg gain compared to the III group.
The first estrus of calves from the III group appeared at 335.8 days and live mass of 283.1kg, for the calves of II group at 392.86 days and 290.70kg and for the I group at 484.40 days and 295.95 kg.
As a result of the more intensive development during the growing period The III group heifers conceived with 148.6 days earlier than the heifers of the I group and with 57.06 days compared to these of II group.

Опитът е проведен с три групи от по 21 женски разплодни телета от породата Българско сименталско говедо. Целта е да се определи ефектът от нивото на хранене до 18-месечна възраст върху теглото и възрастта при първи еструс и първо зачеване на телетата. Осигуряваната дажба е 500 g (I група), 600 g (II група) и 700 g (III група).
Установено е, че интензивно хранените телета от III група имат висок среден дневен прираст от 716 g и достигат на 18 месеца до 428,7 kg жива маса и оползотворяване на храната от 7,0 NU за 1 kg прираст. Телетата от II група с нормално хранене и от I група с ниско хранене имат на същата възраст по-ниска жива маса съответно с 53,8 kg и 100,0 kg и по-висок разход на NU за 1 kg прираст в сравнение с III група.
Първият еструс на телетата от III група се появи на 335,8 дни и жива маса 283,1 kg, за телетата от II група на 392,86 дни и 290,70 kg и за I група на 484,40 дни и 295,95 kg.
В резултат на по-интензивното развитие през вегетационния период юниците от III група зачеват със 148,6 дни по-рано от юниците от I група и с 57,06 дни в сравнение с тези от II група.

7.2 Стойкова, Р., Д. Василева, К. Цочева, Н. Колушев, Т. Колушева. 2007. Съдържание на киселинноразтворими (свободни) нуклеотиди в тъкани и органи на телета от породите Черношарена и Българска Кафява. IV. Киселинноразтворими нуклеотиди в сърце. Сборник научни доклади от научната конференция на Лесотехнически Университет – „Традиции и съвременност във Ветеринарната медицина", 163-170.
https://www.webofscience.com/wos/cabi/full-record/CABI:20093349191

Sixteen acid-souble (free) nucleotides in the heart of calves from the Black-White and Bulgarian Brown cattle breeds were found by two-way paper chromatography method.
The quantity of adenosine- and guanodine- diphoshate nucleotides is significant higher ($p< 0.05$) in comparison with that of three- and monophosphate nucleotides in the both examined breed. It was established that quantity of uridine monophoshate nucleotid was significant ($p< 0.05$) higher in comprison with the quantity of threephosphate and diphosphate nucleotides in the heart of the calves in the both examined breed. The quantity of uridine threephosphate nucleotid is significant lower ($p< 0.05$) in comparison with that of uridine diphosphate and monophosphate nucleotides in the heart of the calves in the both examined breed. Total quantity of adenosine nucleotides, guanodine nucleotides, uridine nucleotides and uridin diphosphate-sugars is significant higher ($p< 0.001$) in the heart of the calves from Bulgarian Brown breed in comparison with that of the calves from Black-White breed. It was found that quantity of the NAD is significant higher ($p< 0.001$), in comparison with that of the NADP in the heart of the calves in the both examined breed. The quantity of NAD and NADP is significant higher ($p< 0.001$) in the heart of the calves from Bulgarian Brown breed, in comparison with that of the calves from Black-White breed.

В сърцето на телета от Черношарената и Българската кафява порода са установени 16 броя киселинноразтворими (свободни) нуклеотиди. Количеството на аденозиновите и гуанозиновите дифосфат нуклеотиди е достоверно ($p < 0.05$) по-високо, в сравнение със съдържанието на три-и моно – фосфат нуклеотидите при двете изследвани породи. Установихме, че съдържанието на уридинмонофосфат нуклеотида е достоверно ($p < 0.05$) по-високо, в сравнение с уридин три- и дифосфат нуклеотидите в сърцето на телетата и при двете изследвани породи. Съдържанието на УТФ е достоверно ($p < 0.05$) най-ниско, в сравнение със съдържанието на УДФ и УМФ в сърцето на телетата и при двете изследвани породи.
Общото съдържание на адениновите, гуаниновите, уридиновите нуклеотиди и УДФ – захарите е достоверно ($p < 0.001$) по-високо в сърцето на телетата от Българската кафява порода, в сравнение с това на телетата от Черношарената порода.
Установихме, че съдържанието на НАД е достоверно по-високо ($p < 0.001$), в сравнение с НАДФ в сърцето на телетата и при двете изследвани породи. Съдържанието на НАД и НАДФ е достоверно по-високо ($p < 0.001$) в сърцето на телетата от Българска кафява порода, в сравнение с телетата от Черношарената порода.

7.3. Василева Д., Р. Стойкова, К. Цочева, Т. Колушева. 2008. Количество на киселинноразтворими (свободни) нуклеотиди в мускулна тъкан на телета от Черношарена и Българска кафява порода. Животновъдни науки, 5:84-91. ISSN 0514-7441
https://www.webofscience.com/wos/cabi/full-record/CABI:20093159015

Nineteen acid soluble (free) nucleotides, two mononucleotides and one unidentified nucleotide, in the muscular tissue of calves of the Black-White and Bulgarian Brown cattle breeds were found by two-way paper chromatography method. The content of adenosine- and guanodine- diphosphate nucleotides was significantly higher ($p < 0.05$), in comparison with that of three- and monophosphate nucleotides in the both examined breeds. Total quantity of adenosine and guanodine nucleotides was significantly higher ($p < 0.001$) in the muscular tissue ot the calves from Bulgarian Brown breed, in comparison with that of Black-White calves.
It was established that the level of uridine threephosphate nucleotides was significantly ($p < 0.05$) higher in comparison with the quantity of di- and monophosphate nucleotides in the examined breeds.

The quantity of NAD was significantly ($p < 0.001$) higher, relative to that of NADP in the both breeds.
Деветнадесет киселинноразтворими (свободни) нуклеотиди, два мононуклеотида и един неидентифициран нуклеотид са открити в мускулната тъкан на телета от породите Черношарено и Българско кафяво говедо, чрез двупосочна хартиена хроматография. Съдържанието на аденозин- и гуанодиндифосфатни нуклеотиди е значително по-високо ($p < 0,05$), в сравнение с това на три- и монофосфатни нуклеотиди и при двете изследвани породи. Общото количество на аденозин и гуанодин нуклеотиди е значително по-високо ($p < 0,001$) в мускулната тъкан на телета от Българска кафява порода, в сравнение с това на Черношарените телета. Установено е, че нивото на уридин трифосфатните нуклеотиди е значително ($p < 0,05$) по-високо в сравнение с количеството на ди- и монофосфатните нуклеотиди при изследваните породи. Количеството на НАД е значително ($p < 0.001$) по-високо спрямо това на НАДФ и при двете породи.

7.4. Стойкова, Р., К. Цочева, Д. Василева, Т. Колушева. 2008. Количество на киселинноразтворими (свободни) нуклеотиди в далак на телета от Черношарена и Българска кафява порода. Животновъдни науки, 5:92-99. ISSN 0514-7441 https://www.webofscience.com/wos/cabi/full-record/CABI:20093159016
Sixteen acid-souble (free) nucleotides in the spleen of mals calves from the Black-White and Bulgarian Brown cattle breeds were found by two-way paper chromatography method. The quantity of adenosine- and guanodine- diphoshate nucleotides is significantly higher ($p< 0.05$) in comparison with that of three and monophosphate nucleotides in both examined breeds. The total quantity of adenosine and guanodine nucleotides is significantly higher ($p< 0.001$) in the spleen of the calves from Bulgarian Brown breed, in comparison with that of the calves from Black-White breed. It was established that the quantity of uridine monophoshate nucleotide was significant ($p< 0.05$) higher in comprison with the quantity of uridine three and diphosphate nucleotides in the spleen of the calves in both examined breeds. The quantity of uridine diphosphate nucleotid is significantly lower ($p< 0.05$) in comparison with that of three and monophosphate nucleotides in the spleen of the calves in both examined breeds. The total quantity of uridine nucleotides is significantly higher ($p< 0.001$) in the spleen of the calves from Black-White breed in comparison with that of the calves from Bulgarian Brown breed. It was found that quantity of the uridin diphosphate-sugars is significantly higher ($p< 0.001$) in the spleen of the calves from Black-White breed, in comparison with that of the calves from Bulgarian Brown breed. It was found that quantity of the NAD is significantly higher ($p< 0.001$), in comparison with that of the NADP in the spleen of the calves in both examined breeds. The quantity of NAD and NADP is significantly higher ($p< 0.001$) in the spleen of the calves from Bulgarian Brown breed, in comparison with that of the calves from Black-White breed.
По метода на двупосочната хартиена хроматография са открити 16 киселинноразтворими (свободни) нуклеотиди в далака на телета от породите Черношарено и Българско кафяво говедо. Количеството на аденозин- и гуанодин-дифосфатните нуклеотиди е значително по-високо ($p<0,05$) в сравнение с това на три и монофосфатните нуклеотиди и при двете изследвани породи. Общото количество на аденозин и гуанодин нуклеотиди е значително по-високо ($p< 0.001$) в далака на телета от Българска кафява порода, в сравнение с това на телета от Черношарена порода.

Установено е, че количеството на уридин монофосфат нуклеотиди е значително (p<0,05) по-високо в сравнение с количеството на уридин три- и дифосфат нуклеотиди в далака на телетата и при двете изследвани породи. Количеството на уридиндифосфат нуклеотиди е значително по-ниско (p<0,05) в сравнение с това на три и монофосфат нуклеотидите в далака на телетата и при двете изследвани породи. Общото количество на уридинови нуклеотиди е значително по-високо (p<0,001) в далака на телета от Черношарената порода в сравнение с това на телета от Българската кафява порода.
Установено е, че количеството на уридиндифосфат захарите е значително по-високо (p< 0.001) в далака на телета от Черношарената порода, в сравнение с това на телета от Българската кафява порода.
Установено е, че количеството на НАД е значително по-високо (p< 0.001), в сравнение с това на НАДФ в далака на телетата и при двете изследвани породи. Количеството на НАД и НАДФ е значимо по-високо (p< 0.001) в далака на телета от Българската кафява порода, в сравнение с това на телета от Черношарената порода.

7.5. Стойкова-Григорова, Р., К. Цочева, Т. Колушева, Н. Колушев. 2009. Количество на киселинноразтворими (свободни) нуклеотиди в тестиси на телета от Черношарена и Българска кафява порода. Сборник научни доклади от Юбилейна научна конференция „Традиции и съвременност във Ветеринарната медицина", Лесотехнически Университет, Факултет по Ветеринарна Медицина, София, 135-143.
https://www.webofscience.com/wos/cabi/full-record/CABI:20143419561

Eighteen acid-souble (free) nucleotides in the testicles of calves from the Black-White and Bulgarian Brown cattle breeds were found by two-way paper chromatography method. The quantity of adenosine- threephoshate nucleotides is significant higher (p< 0.05) in comparison with that of di- and monophosphate nucleotides in the both examined breed. The quantity of guanodine- diphoshate nucleotides is significant higher (p< 0.05) in comparison with that three- and monophosphate nucleotides in the both examined breed. It was established that quantity of uridine monophoshate nucleotid was significant (p< 0.05) higher in comprison with the quantity of threephosphate and diphosphate nucleotides in the testicles of the calves in the both examined breed. The quantity of uridine threephosphate nucleotid is significant lower (p< 0.05) in comparison with that of uridine diphosphate and monophosphate nucleotides in the testicles of the calves in the both examined breed. It was found that quantity of the NAD is significant higher (p< 0.001), in comparison with that of the NADP in the testicles of the calves in the both examined breed. Total quantity of adenosine nucleotides, guanodine nucleotides, NAD, NADP, IMF and CMF is significant higher (p< 0.001) in the testicles of the calves from Black-White breed in comparison with that of the calves from Bulgarian Brown breed. Total quantity of uridine monophoshate nucleotide and uridin diphosphate-sugars is significant higher (p< 0.001) in the testicles of the calves from Bulgarian Brown breed in comparison with that of the calves from Black-White breed.

В тестисите на телета от Черношарената и Българската кафява порода са установени 18 броя киселинноразтворими (свободни) нуклеотида. Количеството на аденозиновите трифосфат нуклеотиди е достоверно (p < 0.05) по-високо, в сравнение със съдържанието на ди- и монофосфатнуклеотидите и при двете изследвани породи. Установихме, че съдържанието на гуанозиновите дифосфат нуклеотиди е достоверно (p<0.05) по-високо, в сравнение със съдържанието на три- и моно – фосфатнуклеотидите и при двете изследвани породи. Количеството на уридин монофосфат нуклеотидите е достоверно (p<0.05) по-високо, в сравнение с уридин три-

и ди- фосфат нуклеотидите в тестиси на телетата и при двете изследвани породи. Количеството на УДФ е достоверно ($p < 0.05$) най-ниско, в сравнение със съдържанието на УТФ и УМФ в тестиси на телетата и при двете изследвани породи. Съдържанието на НАД е достоверно по-високо ($p<0.001$), в сравнение с НАДФ в тестиси на телетата и при двете изследвани породи. Общото съдържание на адениновите и гуаниновите нуклеотиди, НАД, НАДФ, ИМФ и ЦМФ е достоверно ($p<0.001$) по-високо в тестиси на телетата от Черношарената порода в сравнение с това на телетата от Българската кафява порода. Общото съдържание на уридиновите нуклеотиди и УДФ – захарите е достоверно ($p<0.001$) по-високо в тестиси на телетата от Българската кафява порода, в сравнение с това на телетата от Черношарената порода.

7.6 Цочева К., Р. Петрова, П. Стойков, З. Шиндарска. 2009. Оценка влиянието на сезона и системите на отглеждане върху варирането на някои показатели на телета за угояване от Българска сименталска порода. Селскостопанска наука, 1:46-57. ISSN 1311-3534
https://www.webofscience.com/wos/cabi/full-record/CABI:20103353928

Influence of the season and rearing systems on the variation of final live weight and average daily gain of fattening calves from Bulgarian simental breed was estimated through monofactorial and two factors nested analysis of variance. It was found that season in which fattening of calves started had no significant influence on variation of the studied characters. Variance estimates associated to rearing systems were significant ($p<0.01$, $p<0.001$) only in second experiment (started during summer). Therefore we can consider that approximately 25 % of variation of final live weight and 40 % of variation of average daily gain were due to rearing systems in which the calves were fattened in that experiment. The rank correlations (rs) between initial and final live weight of the calves were significand ($p<0.05$, $p<0.01$) for all three rearing systems in both experiments. The rank correlations were estimated by the coefficients of determination, which were between 31 % and 85 %.

Влиянието на сезона и системите на отглеждане върху варирането на крайната жива маса и средния дневен прираст на телета за угояване от Българска сименталска порода е оценено, посредством двуфакторен и еднофакторен дисперсионен анализ.Установено е, че сезона на залагане на телетата за угояване не оказва достоверно влияние върху варирането на анализираните количествени показатели. Оценките на варианса, свързани с влиянието на системите на отглеждане са достоверни ($p<0.001$, $p<0.001$) само във втория опит. Това ни дава основание да приемем, че около 25% от варирането на крайната жива маса и 40% от варирането на средния дневен прираст на телетата се обуславя от влиянието на системите на отглеждане. Коефициентите на рангова корелация (rS) между началната и крайната жива маса на телетата са достоверни ($p<0.05$, $p<0.01$) за трите системи на отглеждане в двата опита. Степента на корелационната зависимост е оценка посредстовом коефициентите на детерминация, които са в границите от 31 до 85 %.

7.7. Цочева К, Р. Стойкова, М. Михайлова 2011. Приложение на микросателитните маркери в овцевъдството. I Съобщение. Животновъдни науки, XLVIII, 1:111 – 121. ISSN 0514-7441 (Print) ISSN 2534-9856 (On-line)
https://www.webofscience.com/wos/cabi/full-record/CABI:20113252410

In the last decade, in the context of the recommendations of FAO and ISAG (International Society of Animal Genetics), numerous studies have been launched, with a view to

characterizing the genetic structure and evaluating intra- and inter-breed diversity in a number of sheep populations. The current level in the development of molecular genetics, the technical and scientific achievements in this field, have determined the use of microsatellite and mitochondrial DNA sequences as routine methods for the assessment of genetic structure and diversity in different ruminant populations. The application of microsatellite markers is undeniable in proving paternity and pedigree records, with the aim of tracking alleles in populations, and is scientifically sound both for the assessment of genetic diversity, genetic distances and inbreeding in different livestock populations. Microsatellite markers are the best genetic markers because of their locus identity, high level of polymorphism, genome-wide random distribution, codominant inheritance, selection neutrality, reproducible and easy automation of analytical procedures in genotyping sheep of different breeds.

През последното десетилетие в контекста на препоръките на FAO и ISAG (Международно общество по генетика на животните) стартират многобройни изследвания, с оглед характеристика на генетичната структура и оценка на вътре- и между- породното разнообразие в редица популации овце. Настоящото ниво в развитието на молекулярната генетика, техническите и научните постижения в тази област, обусловиха използването на микросателитните и митохондриални ДНК-последователности като рутинни методи за оценка на генетичната структура и разнообразието в различни популации преживни животни. Приложението на микросателитните маркери е неоспоримо при доказване на бащинство и на записи от педигретата, с цел проследяване на алелите в популациите и е научно обосновано както за оценка на генетичното разнообразие, генетичните дистанции, така и за инбридинга в различни популации селскостопански животни. Микросателитните маркери са най-добрите генетични маркери поради тяхната локусна идентичност, високо ниво на полиморфизъм, случайно разпределение върху целия геном, кодоминантно наследяване, неутралност относно селекцията, възпроизводима и лесна автоматизация на аналитичните процедури при генотипиране.

7.8. Цочева К, Р. Стойкова, М. Михайлова, 2011. Приложение на микросателитните маркери в овцевъдството. II Съобщение. Животновъдни науки, XLVIII, 2:43 – 53. ISSN 0514-7441 (Print) ISSN 2534-9856 (On-line)
https://www.webofscience.com/wos/cabi/full-record/CABI:20113252421

The literature review showed that over the past decade, intensive research has been carried out in various sheep breeds using microsatellite markers to assess genetic diversity. The molecular data obtained from these studies are informative quantitative parameters for the structure of the breeds, the genetic distances between them and the level of inbreeding. The information obtained from the studies using microsatellite markers adequately reflects the changes in allelic diversity realized through the gene flow of the male individuals and is suitable for a comprehensive representation of the genomic diversity in sheep. In this aspect, the obtained molecular data on population structure and genetic diversity are a step forward in the concept of modern genetic resources of farm animals. Conservation of genetic diversity, as one of the main problems of applied genetics, presupposes the availability of comprehensive information about the structure of populations, including the sources of interbreed and intrabreed allelic diversity. Because precisely this information is an unconditional prerequisite for the adequate realization of priorities and effective strategies for the preservation of genetically different and unique breeds of sheep.

Литературният преглед показа, че през последното десетилетие са проведени интензивни изследвания в различни породи овце посредством микросателитни

маркери, с цел оценка на генетичното разнообразие. Получените молекулярни данни от тези изследвания се явяват информативни оценъчни количествени параметри, за структурата на породите, генетичните дистанции между тях и нивото на инбридинг. Информацията получена от изследванията посредством микросателитните маркери адекватно отразява промените в алелното разнообразие, реализирано чрез генния поток от мъжките индивиди, и е подходяща за цялостно представяне на генномното разнообразие при овцете. В този аспект получените молекулярни данни за структурата на популациите и генетичното разнообразие са крачка напред в концепцията за съвременните генетични ресурси на селскостопанските животни. Съхранението на генетичното разнообразие като един от основните проблеми на приложната генетика, предполага наличие на изчерпателна информация, относно структурата на популациите, включително източниците на междупородно и вътрепородно алелно разнообразие. Защото именно тази информация се явява безусловна предпоставка за адекватно реализиране на приоритети и ефективни стратегии за съхранение на генетично различни и уникални породи овце.

7.9. Стойкова-Григорова, Р., К. Стефанова, Ж. Накев, И. Атанасов, М. Игнатова, П. Маринова, 2016. Стрес синдром (PSS) и физикохимичен състав на m. Longissimusdorsi при свине от Източнобалканската порода. Животновъдни науки, LIII, 3-6, 121-127. ISSN 0514-7441 (Print) ISSN 2534-9856 (On-line)
https://www.webofscience.com/wos/cabi/full-record/CABI:20183030461

The Malignant hyperthermia in pigs is due to a mutation in the locus of the ryanodine receptor gene (RYR1) or Porcine stress syndrome (PSS) and the presence of pale, soft and exudative (PSE) meat. The aim of this study is to make genotyping for ryanodine receptor gene and physicalchemical analysis of m. Longissimus dorsi in pigs from East Balkan breed. Genotyping by searches locus was performed by polymerase chain reaction method (PCR method) and the analysis of the polymorphism of the restriction fragment lengths (RFLP). DNA is isolated from plucked hair of 32 animals from two herds bred in Burgas and Shumen region. Analyses of genotyping at RYR1 locus from pigs of East Balkan breed showed only homozygous for the dominant allele individuals (NN). The mutation of RYR1 gene (recessive allele n) has not been observed and the tested animals are negative for porcine stress syndrome. Established phenotype of pale, soft and exudative meat in m. Longissimus dorsi at East Balkan breed pigs after induced stress that is by non-genetic origin.

Стрес синдрома при свинете (PSS) се дължи на мутация в локуса на гена на рианодиновия рецептор (RYR1) и е свързан с наличието на бледо, меко и ексудативно (PSE) месо. Целта на това изследване е да се направи генотипиране на гена на рианодиновия рецептор и физикохимичен анализ на m. Longissimus dorsi при свине от Източнобалканска порода. Генотипирането беше извършено чрез метода на полимеразно верижната реакция (PCR метод) и анализ на полиморфизмите на дължините на рестрикционните фрагменти (RFLP). ДНК беше изолирана от космени луковици на 32 животни от две стада, отглеждани в Бургаска и Шуменска област. Анализите на генотипирането на локуса RYR1 при прасета от Източнобалканската порода показаха само хомозиготни по доминантния алел индивиди (NN). Мутацията на гена RYR1 (рецесивен алел n) не е наблюдавана и тестваните животни са отрицателни за Стрес синдрома при свинете. Установеното бледо, меко и ексудативно месо при m. Longissimus dorsi при Източнобалканска порода свине се дължи на стрес с негенетичен произход.

7.10. Balkanska, R., K. Stefanova, R. Stoikova–Grigorova, V. Manolova. 2018. Preliminary study of DNA extraction from Bulgarian honeys and its amplification by PCR for botanical identification. Food and Health, 4(3), 194-201. ISSN 2602-2834 (Online)
https://www.webofscience.com/wos/cabi/full-record/CABI:20193074564

The physiochemical and biological properties of honey are directly associated to its floral origin. Some current commonly used methods for identification of botanical origin of honey involve melissopalynological analysis or other analytical methods. However, these methods can be less sensitive and time-consuming. DNA-based methods have become popular due to their quickness and reliability. In this respect, the purpose on the present study is to compare two DNA extraction kits – DNeasy Plant Mini Kit (Qiagen) and GeneJET Genomic DNA Purification Mini Kit (Thermo Scientific) and CTAB method combined with different pre-treatment procedures and applied to 3 multifloral and 2 monofloral honey samples. The DNA extraction and amplification was carried out for all honey samples with similar results in each replication. The extracted DNA was amplified by PCR using plant specific primers rbcL gene and trnH-psbA spacer. The result obtained confirming that the DNA extracted has good quality for analysis of PCR products and that it can be used for botanical identification of honey.

Физикохимичните и биологични свойства на меда са пряко свързани с неговия флорален произход. Някои настоящи често използвани методи за идентифициране на ботаническия произход на меда включват мелисопалинологичен анализ или други аналитични методи. Въпреки това, тези методи могат да бъдат по-малко чувствителни и отнемащи време. Базираните на ДНК методи станаха популярни поради своята бързина и надеждност. В това отношение целта на настоящото проучване е да се сравнят два кита за екстракция на ДНК – Mini Kit DNeasy Plant (Qiagen) и GeneJET Genomic DNA Purification Mini Kit (Thermo Scientific) и CTAB метод, комбиниран с различни процедури за предварителна обработка и приложен към три полиифлорни и две монофлорни проби мед. Екстракцията и амплификацията на ДНК бяха извършени за всички проби от мед с подобни резултати при всяка репликация. Екстрахираната ДНК се амплифицира чрез PCR, като се използват специфични за растенията праймери rbcL ген и trnH-psbA спейсер. Полученият резултат потвърждава, че извлечената ДНК има добро качество за анализ на PCR продукти и може да се използва за ботаническа идентификация на мед.

7.11. Ivanova, T., R. Stoykova-Grigorova, M. Bozhilova-Sakova, M. Ignatova, I. Dimitrova. 2021. Genetic Basis of Seasonal Reproduction in Sheep. Journal of Mountain Agriculture on the Balkans, 24 (3), 40-59.
ISSN 1311-0489 (Print); ISSN 2367-8364 (Online)
https://www.webofscience.com/wos/cabi/full-record/CABI:20220266115

Sheep breeding is one of the branches of agriculture in which increasing the productive traits of animals is essentialt. The genetic progress obtained through the conventional breeding technique is significant, but it could have a greater and faster effect with the use of new molecular based technologies to improve the desired productive qualities of economically importance. The application of DNA markers associated with genetic diversity and quantitative trait loci are important for the development and use of marker selection for increasing the efficiency of breeding programs, including sheep breeding. The study of the factors and mechanisms of their effect on reproduction in sheep makes it possible to improve their characeristics and to increase the productivity of animals. The genes of the hormone

melatonin, melatonin receptors and the enzyme arylalkylamine N-acetyltransferase are the main molecular markers, the object of many studies, which have been identified as candidate genes with effective influence on fertility in sheep, making them suitable for selection.
Овцевъдството е един от важните отрасли в селското стопанство, в който повишаването на продуктивните показатели на животните е от важно значение. Генетичният прогрес, получен чрез „класическата" развъдна техника е значителен, но той може да има по-голям и бърз ефект с използването на нови молекулярно базирани технологии за подобряване на търсени селекционни качества с икономически важно значение. Прилагането на ДНК маркери, свързани с генетичното разнообразие и локуси за количествени признаци са от значимост за разработването и ползването на ускорена маркерна селекция за повишаване ефективността на развъдните програми в т. ч. и овцевъдството. Изучаването на факторите и механизмите на влиянието им върху размножителния процес при овцете дава възможност да се подобряват и усъвършенстват репродуктивните им качества в посока повишаване на производителността на животните. Гените на хормона мелатонин, мелатониновите рецептори и ензима арилалкиламин N-ацетилтрансфераза са основните молекулярни макери, обект на много проучвания, които са определени като кандидат гени с ефективно влияние върху плодовитостта при овце, което ги прави подходящи за включване в селекционната практиката.

7.12. Lukanova, N., R. Stoykova-Grigorova, K. Stefanova. 2021. First detection of the DMRT3 „gait keeper" mutation in horse breeds in Bulgaria. Bulgarian journal of agricultural science, 27 (6), 1233–1237. ISSN 1310-0351 (Print) ISSN 2534-983X (On-line) https://www.webofscience.com/wos/woscc/full-record/WOS:000734173800024
The present study aimed to identify the genotype and the allele variety of the DMRT3 gene highly linked SNP with the horse breed. It aims as well as to determine the effective alleles, influencing the ability to perform alternate gaits, which causes a favorable effect on the harness racing performance (all that being based on the results discussed). The animals were selected via genotyping based on their breed, gaits, and racing performance. Some of these horses showed good racing performance, so we've used their performance traits. The RFLP analysis was carried out with specific endonuclease DdeI. The whole group of horses was genotyped for SNP (BIEC2_620109) via Sanger sequencing. In the study, the mutation was observed in horses from the following 5 harness breeds (Germany, Italian, Standardbred, French and Bulgarian trotters). In the breeds for a flat race, only the wild type was observed. SNP (BIEC2_620109) is highly linked with the A and C alleles of DMRT3_Ser301STOP mutation, except for only one horse of the Fresian breed. Both groups: young horses of 2 and 3 yo (years old), incl. a qualification test and horses older than 4 yo (years old) /of heterozygous genotype CA showed a better placing. The heterozygous genotypes (CA) have a positive effect on the winning results of the four-year-old ones. The heterozygous genotype (CA) has a negative effect on the qualification and the racing career of the young horses. These results indicate that this polymorphism may be useful for assisted selection for the gait type of the gaited breeds.
Настоящото изследване имаше за цел да идентифицира генотипното и алелно разнообразие на DMRT3 гена, както и да определи ефективните алели, влияещи върху способността за изпълнение на алтернативни походки, което води до благоприятен ефект върху представянето на състезателните коне. Животните бяха избрани въз основа на тяхната порода, походка и състезателни резултати. Някои от тези коне са показали добро представяне в състезанията.

RFLP анализът беше проведе със специфична ендонуклеаза DdeI. Избраната извадка коне беше генотипирана за SNP (BIEC2_620109) чрез секвениране на Sanger. В изследването мутацията беше наблюдавана при коне от 5 впрегатни породи (Германски, Италиански, Стандартбред, Френски и Български рисаци). При другите породите се наблюдава само дивият тип. Хетерозиготните генотипове (CA) оказват положително влияние върху победните резултати на четиригодишните. Хетерозиготният генотип (CA) оказва негативно влияние върху квалификацията и състезателната кариера на младите коне. Тези резултати показват, че полиморфизъма може да бъде полезен за асистирана селекция за типа походка на породите с походка.

7.13. Bozhilova-Sakova, M., and Stoykova-Grigorova, R. 2022. Genetic study on BMP-15 ascandidate gene of prolificacy in Ile de France sheep breed. Bulgarian Journal of Animal Husbandry, 59(1), 32-35. ISSN 0514-7441 (Print) ISSN 2534-9856 (On-line)
https://www.webofscience.com/wos/cabi/full-record/CABI:20220117422

The aim of this experiment was to detect the possible polymorphism in BMP-15 gene by PCRRFLP. Sheep BMP-15 gene is located on X chromosome and it is directly related to prolificacy, ovulation rate and twining in sheep. The present study was carried out with 50 ewes from Ile de France sheep breed, part of the Institute of Animal Science – Kostinbrod. Blood samples were collected from jugular vein. Genomic DNA was extracted from the whole blood by manual purification kit. Specific set of primers was used for the PCR amplification. The PCR products were digested by restriction enzyme DdeI and the obtained fragments were visualized on 3% agarose gel stained with GelRed. In all tested animals it was detected only wild allele A and only wild homozygous genotype AA (153 bp), respectively. Therefore, in this experiment, the studied region of the BMP-15 gene can be defined as monomorphic, which means that it could not be used as a candidate gene of prolificacy in this herd.

Целта на това изслесване беше да се открие възможния полиморфизъм в гена BMP-15, чрез PCR-RFLP анализ. Генът BMP-15 при овцете се намира на Х хромозомата и е пряко свързан с плодовитостта, скоростта на овулация и раждането на близнаци. Настоящото проучване беше проведено с 50 овце-майки от породата Ил дьо Франс, част от Институт по животновъдни науки – Костинброд. Бяха взети кръвни проби от югуларната вена. Геномната ДНК беше екстрахирана от цяла кръв чрез комерсиален кит за изолиране. За PCR амплификацията беше използван специфичен набор от праймери. PCR-RFLP анализът беше проведен чрез рестрикционен ензим DdeI и получените фрагменти бяха визуализирани върху 3 % агарозен гел, оцветен с GelRed. При всички изследвани животни беше открит само див алел А и само див хомозиготен генотип АА (153 bp). Поради това в тази популация BMP-15 локуса може да се определи като мономорфен и не може да бъде прилаган като кандидат ген за плодовитост.

7.14. Stoykova-Grigorova, R., Bozhilova-Sakova, M., Ivanova, T., Ignatova, M., Dimitrova, I. 2022. Milk production in sheep – genetic basis and phenotype characteristics. Bulgarian Journal of Animal Husbandry, 59(2), 23-33 ISSN 0514-7441 (Print) ISSN 2534-9856 (On-line)
https://www.webofscience.com/wos/cabi/full-record/CABI:20220208917

Milk is a product with highly dynamic characteristics. Its composition varies according to the breed, lactation period, nutrition, health status of the animal, as well as the conditions of milking and storage. Investigation of genetic potential and productive traits of farm animals is essential for every producer. The phenotypic characteristics of sheep are the result of the

complex interaction of a wide range of genetic and non-genetic factors. They are slightly influenced by traditional selection. Therefore, it is essential to study the genetic pattern of inheritance of these traits. In the last decades of the 20th century, several researchers have studied genetic variation in populations of different breeds of farm animals, using genetic markers of class I, such as blood types and polymorphisms of proteins in blood and milk. Modern methods of molecular biology make it possible to use class II genetic markers in research to identify genetic polymorphisms in the loci of molecular markers and associate them to certain phenotype characteristics, study the laws of organization and functioning of the genome, decipher the mechanisms for the realization of genetic information. The obtained data from these analyzes are successfully applied in the development of breeding programs in animal husbandry practice, to speed up the realization of genetic progress. Some of the main major candidate genes that have been studied related to milk productivity in sheep are: prolactin, αs1, αs2, β and κ-casein, α- and β-lactoglobulin, PIT-1.

Определянето на генетичните заложби и продуктивните показатели на селскостопанските животните, както и производството на качествена продукция е от съществено значение за всяко стопанство. През последните десетилетия на 20 век редица изследователи правят проучвания на генетичното вариране в популации от различни породи селскостопански животни, посредством генетични маркери от I клас, такива като кръвни групи и полиморфизъм на протеини в кръв и мляко. Съвременните методи на молекулярната биология дават възможност в научните изследвания да се използват генетични маркери от II клас за идентифициране на генетичните полиморфизми в локусите на QTL молекулярни маркери и свързването им с определени фенотипни показатели, изучаване на закономерностите на организация и функциониране на генома, разгадаване на механизмите за реализация на генетичната информация в норма и патология. Получените данни от тези анализи с успех се прилагат при разработване на развъдни програми в животновъдната практика, с цел по-бърза реализация на генетичния прогрес. Някои от основните главни кандидат гени, които са проучени във връзка с млечната продуктивност при овцете са: пролактин, αs1, αs2, β and κ-casein, α- and β- lactoglobulin, PIT-1.

7.15. Bozhilova-Sakova, M., Dimitrova, I., Ignatova, M., Teneva, A., Ivanova, T., Koutev, V., Stoikova-Grigorova, R., Viryanski, D. 2022. Identification of MSTN/DraI polymorphism in ten Bulgarian sheep breeds, Bulgarian Journal of Animal Husbandry, 59 (4): 36-40. ISSN 0514-7441 (Print) ISSN 2534-9856 (On-line)
https://www.webofscience.com/wos/cabi/full-record/CABI:20220414028

The success of sheep production depends largely on two important characteristics of sheep – their growth ability and meat quality. The myostatin gene (MSTN) is one of the major regulators of skeletal muscle growth and development and it is defined as a suitable candidate gene for genetic improvement through marker-assisted selection. In this study by means of PCR-RFLP method was identified allelic variants of intron 1 of MSTN gene in ten Bulgarian sheep breeds – Askanian (30 animals), Caucasian (30 animals), Karnobat Merino (60), Local Karnobat (30), Karakachan (60), Breznik (30), Cooper-Red Shoumen (30), Il de France (60), Bulgarian Dairy Synthetic Population (60) and Pleven Black headed (30). Genomic DNA was extracted from 420 blood samples. After PCR amplification, the received 497 bp fragment of the myostatin gene was digested with the restriction enzyme DraI. The results showed that this area of the myostatin gene is highly conservative in Bulgarian sheep breeds. All of the investigated ten sheep breeds were monomorphic for the tested locus. Only the B allele and genotype BB were found in all studied animals.

Успехът на овцевъдството зависи до голяма степен от две важни характеристики на овцете – тяхната способност за растеж и качество на месото. Миостатиновият ген (MSTN) е един от основните регулатори на растежа и развитието на скелетната мускулатура и се определя като подходящ кандидат ген за генетично подобрение чрез селекция, подпомагана от маркери. В това изследване с помощта на метода PCR-RFLP са идентифицирани алелни варианти на интрон 1 на MSTN гена в десет български породи овце – Асканийска (30 животни), Кавказка (30 животни), Карнобатска мериносова (60), Местна карнобатска (30), Каракачан (60), Брезник (30), Медночервена шуменска (30), Ил дьо Франс (60), Българска млечна синтетична популация (60) и Плевенска черноглава (30). Геномна ДНК е извлечена от 420 кръвни проби. След PCR амплификация, полученият 497 bp фрагмент от миостатиновия ген се реже с рестрикционния ензим DraI. Резултатите показват, че тази област на миостатиновия ген е силно консервативна при българските породи овце. Всички изследвани десет породи са мономорфни за изследвания локус. Открити са само B алел и генотип BB при всички изследвани животни.

7.16. Bozhilova-Sakova, M., Viryanski, D., Dimitrova, I., Ignatova, M., Stoykova-Grigorova, R., 2022. Genetic factors influencing rabbit breeding. An overview. Bulgarian Journal of Animal Husbandry, 59 (6): 46-56. ISSN 0514-7441 (Print) ISSN 2534-9856 (On-line)
https://www.webofscience.com/wos/cabi/full-record/CABI:20230288215

Rabbit breeding is a branch of animal husbandry, that provides high-quality and dieted meat. In Bulgaria, this sector is slightly developed, regardless of the growing interest in it. Rabbits have excellent biological abilities – early maturity, high growth intensity, high fertility, and good feed absorption. Rabbit meat has excellent taste qualities, low cholesterol content, and a low percentage of bones in the carcass. In Bulgaria, rabbits are raised mainly for meat. Although the industry is well developed, rabbit meat production is in demand on the market due to its dietary properties, such as low fat and high protein content. Most of the rabbit population in Bulgaria has consisted of White New Zealand and California breeds, but the breeds White Giant, Belgian Giant, Chinchilla, the newly created breed group – Veselina, and the hybrid ZIKA are also bred but in smaller populations and mainly in private farms. The rabbit genome consists of 44 chromosomes (2n = 44). The identification of genome regions and genes related to important phenotypic traits allows the selection of the genetic markers linked with the trait of interest. Marker-assisted selection (MAS) contributes to choosing animals at the early stage of breeding by improving and increasing the expected results compared to the standard methods of selection.

Зайцевъдството е отрасъл от животновъдството, който осигурява висококачествено и диетично месо. В България този сектор е слабо развит, независимо от нарастващия интерес към него. Зайците имат отлични биологични качества – ранозрелост, висок интензитет на растеж, висока плодовитост и добра усвояемост на храната. Заешкото месо има отлични вкусови качества, ниско съдържание на холестерол и нисък процент кости в трупа. В нашата страна зайците се отглеждат предимно за месо. Производството на заешко месо е търсено на пазара поради неговите диетични свойства, като ниско съдържание на мазнини и високо съдържание на протеини. По-голямата част от популацията на зайци в България се състои от породите Бял новозеландски и Калифорнийски, но се отглеждат и породите Бял великан, Белгийски великан, Чинчила, новосъздадената породна група – Веселина и хибридът ЗИКА, но в по-малки популации и предимно в частни стопанства. Геномът на заека се състои от 44 хромозоми (2n = 44). Идентифицирането на геномни региони и гени, свързани с

важни фенотипни черти, позволява избор на генетични маркери, влияещи върху избрани фенотипни показатели. Маркерно асистираната селекция (MAS) допринася за избора на животни в ранен етап на отглеждане, чрез подобряване и повишаване на очакваните резултати в сравнение със стандартните методи.

7.17. R. Stoykova-Grigorova, K. Stefanova, M. Bozhilova-Sakova. 2023. Genetic variability in myostatin (MSTN) and rhyanodin (RYR1) receptor genes in crossbred pigs Youna x Pietrain. Bulgarian journal of agricultural science, 29, 2, 378–383. ISSN 1310-0351 (Print) ISSN 2534-983X (On-line) **https://www.webofscience.com/wos/woscc/full-record/WOS:000986896900022**
The aim of present study was investigation of genetic variability in myostatin and ryanodine receptor genes in pigs. 26 male and female crossbred pigs Youna x Pietrain were studied, they were part of the Institute of animal science – Kostinbrod, Bulgaria. Genomic DNA was extracted from hair by manual purification kit. PCR amplification and RFLP analysis were carried out. Specific restriction enzymes were used as fallowed: TaqI for MSTN/exon3, DraI for MSTN/promoter and HhaI for RYR1 locus. The fragments were separated by agarose electrophoresis and the obtained results were visualized under UV light. Based on results, promoter of MSTN and RYR1 genes were found to be polymorphic while the exon 3 of MSTN gene was monomorphic. The allelic frequencies in MSTN/promotor region were 0.96 for allele T and 0.04 for A and the genotype frequencies were 0.92 and 0.08 for TT and TA, respectively. Homozygous genotype AA was not found in this herd. In MSTN/exon3 region only allele C and genotype CC were observed. The allelic frequencies were 0.98 for allele N and 0.02 for allele n. Genotype frequencies were 0.96 for homozygous dominant genotype NN and 0.04 for heterozygous genotype Nn. Homozygous recessive genotype nn was not found. Observed (Ho) and expected (He) heterozygosity were 0.076 and 0.077 for MSTN/DraI and 0.038 and 0.039 for RYR1, respectively.
Целта на настоящото изследване е установяване на генетичната вариабилност в гените на миостатина и рианодина при свине. Изследвани са 26 мъжки и женски животни получени при кръстосване на породите Юна х Пиетрен, част от Института по животновъдни науки – Костинброд, България. Геномната ДНК се извлича от космена луковица чрез комерсиален кит за изолиране. Извършени са PCR амплификация и RFLP анализ. Използвани са специфичните рестрикционни ензими TaqI за MSTN/екзон3, DraI за MSTN/промотор и HhaI за RYR1. Фрагментите са разделени чрез агарозна електрофореза и получените резултати са визуализирани под UV светлина. Въз основа на резултатите е установено, че промоторът на MSTN и RYR1 гена са полиморфни, докато екзон 3 на MSTN гена е мономорфен. Алелните честоти в MSTN/промоторната област са 0,96 за алел Т и 0,04 за А, а честотите на генотипа са съответно 0,92 и 0,08 за ТТ и ТА. В това стадо не е открит хомозиготен генотип АА. В региона MSTN/exon3 са наблюдавани само алел С и генотип СС. Алелните честоти са 0.98 за алел N и 0.02 за алел n. Честотите на генотипа са 0,96 за хомозиготния доминантен генотип NN и 0,04 за хетерозиготния генотип Nn. Не е намерен хомозиготен рецесивен генотип nn. Наблюдаваната (Но) и очакваната (Не) хетерозиготност са съответно 0,076 и 0,077 за MSTN/DraI и 0,038 и 0,039 за RYR1.

7.18. Stoykova-Grigorova, R., M. Bozhilova-Sakova , Ivona Dimitrova , 2023. PCR-RFLP analysis of FecB gene in Il de France sheep breed. Journal of Mountain Agriculture on the Balkans. 26 (4):16-25. ISSN 1311-0489 (Print); ISSN 2367-8364 (Online)
https://www.webofscience.com/wos/cabi/full-record/CABI:20240038356

The aim of the present study was to detect the possible polymorphism in the FecB gene by PCR-RFLP analysis. In sheep, many mutations have been found in genes coding various proteins that affect fertility and ovulation rate. One of them is the FecB gene and Booroola mutation. The experiment was conducted with 70 ewes of Ile de France sheep breed, part of the Institute of Animal Science - Kostinbrod. Blood samples were taken from the jugular vein. Genomic DNA was extracted from whole blood using a commercial kit. A specific set of primers was used for PCR amplification. PCR-RFLP analysis was performed by AvaII restriction enzyme and the resulting fragments were visualized on a 2.5{\%} agarose gel stained with GelRed. The genotyped ewes did not show the presence of the mutant allele for FecB gene. All studied animals were homozygous and carried only the FecB++ genotype.

Целта на настоящето изследване е да се открие възможният полиморфизъм в гена FecB чрез PCR-RFLP анализ. При овцете са открити много мутации в гени, експресиращи различни протеини, които влияят в определена степен върху плодовитостта и скоростта на овулацията. Един от тях е Booroola гена (FecB). Анализа беше проведен с 70 овце-майки от породата Ил дьо Франс, част от Институт по животновъдни науки – Костинброд. Бяха взети кръвни проби от югуларната вена. Геномната ДНК беше екстрахирана от цяла кръв с помощта на комерсиален кит. За PCR амплификацията беше използван специфичен набор от праймери. PCR-RFLP анализът беше проведен чрез рестрикционен ензим AvaII, а получените фрагменти бяха визуализирани върху 2,5 % агарозен гел, оцветен с GelRed. Генотипираните по локуса на FceB гена овце от стадото от породата Ил дьо Франс не са носители на мутантен алел. Всички изследвани животни са с хомозиготен генотип FecB++.

7.19. Ivanova, T., R. Stoykova-Grigorova, M. Bozhilova-Sakova, D. Gencheva. 2024. Heritability of some productive traits in animals from Ile de France sheep breed. Bulgarian journal of agricultural science, 30 (2) 352–355.
ISSN 1310-0351 (Print) ISSN 2534-983X (On-line)
https://www.webofscience.com/wos/woscc/full-record/WOS:001222960600006

The purpose of the present study was to determine the heritability of some productive traitsin sheep of Ile de France breed. The study was conducted with 369 ewes and 473 lambs of Ile de France breed for the period 2016–2020, bred at the Experimental Base of the Institute of Animal Science – Kostinbrod. Biological fecundity was determined as the ratio of the litter size, stillbirths and aborted lambs to the number of lambed ewes. Live weights were measured at birth, at 10 days, at 30 days and at 70 days, with a deviation of ± 2 days. The information was processed using the methods of variational statistics. A variance analysis was performed usingANOVA model, significance of the effect of the factor was determined by the values of Fisher‘s F-criterion, and the significance of the differences between the studied groups – by the Student‘s t-test, with the statistical software Data Analysis, Excel 2021, Microsoft. The coefficients of the heritability of the studied productive traits were estimated. A significant effect of the year of lambing F = 2.725* on biological fecundity and the year of birth on the live weight at birth F = 5.721***, at 10 days F = 23.875***, at 30 days F = 14.363*** and at 70 days of age F = 44.715*** was found. The average fecundity of the ewes was 154%. There were statistically significant differencesfor the average live weight of lambs at different stages of development depending on the year of birth. Estimated heritability values for

biological fecundity h2-0,03* and live weightat birth h2-0.05***,at 10 days h2-0.18***,at 30 days h2-0.12***, and at 70 days of age h2-0.30*** were from low to average.
Целта на проучването е да се установи унаследяемостта на някои продуктивни показатели при овце от породата ил дьо франс. Изследването е проведено с 369 бр. овце майки и техните агнета (473 бр.) от породата Ил дьо Франс за периода 2016-2020 г., отглеждани в Експериментолната база на Института по животновъдни науки – Костинброд. Определена е биологичната плодовитост като отношение на броя на живородените, мъртвородените и абортираните агнета към броя на оагнените овце майки. Измерени са живите тегла при раждане, на 10 дни, на 30 дни и на 70 дни, с отклонение ± 2 дни. Информацията е обработена по методите на вариационната статистика. Извършен е дисперсионен анализ чрез ANOVA модела, достоверността на влиянието на фактора е определена по стойностите на F-критерия на Фишер, а достоверността на разликите между изследваните групи - чрез t-теста на Стюдент, със статистическия пакет Data Analysis, Excel 2021, Microsoft. Изчислени са стойностите на коефициентите на наследяемост на проучваните продуктивни признаци. Установен е достоверен ефект на стопанската година (F=2,725*) върху биологичната плодовитост и върху признака живо тегло (живото тегло при раждане, на 10 дневна, на 30 дневна и на 70 дневна възраст) ($P \leq 0.001$). Средната стойност на плодовитостта на овцете майки е 154%. Съществуват доказани разлики ($P \leq 0.001$; $P \leq 0.01$; $P \leq 0.05$) за средното живо тегло на агнетата при раждане, на 10 дневна, на 30 дневна и на 70 дневна възраст в зависимост от годината на раждане. Стойностите на херитабилитета за биологичната плодовитост и живото тегло са доказани, ниски до средно високи ($P \leq 0.001$; $P \leq 0.05$).

7.20. Стойкова-Григорова, Р., 2024. Молекулярно-генетични подходи в птицевъдството. Животновъдни науки, 61 (4): 40-47. **ISSN 0514-7441 (Print) ISSN 2534-9856 (On-line)** **https://www.webofscience.com/wos/alldb/full-record/CABI:20240466950**
Poultry farming is an animal breeding industry addressing the need for eggs and meat with prominent delicacy qualities. Modern, highly productive breeds need to be created and maintained in order to let this industry meet the consumers' demands. With the following literature overview we aimed to examine the studies evaluating the candidate genes that are related to birds' productivity. Molecular-genetic approaches such as sequencing, Genome Wide Association Studies, Microsatellite markers, Real time PCR, PCR-RFLP enable the discovery of the genetic mechanisms that regulate the processes in organisms, thus affecting the desired productive qualities of farm animals. Meat and egg productivity directly depend on a number of genetic and non-genetic factors. The genetic factors include a wide variety of genes that control the expression of proteins involved in various biochemical processes.
Птицевъдството е животновъден отрасъл обезпечаващ нуждата от яйца и месо с подчертани деликатесни качества. За да може да отговори на изискванията на потребителите е необходимо поддържането на високопродуктивни културни породи. С настоящия литературен обзор си поставихме за цел да проследим проучванията насочени към оценката на кандидат гени свързани с продуктивността при птици. Молекулярно-генетичните подходи, като Секвениране, Асоциативни проучвания на целия геном при големи групи, Микросателитни маркери, Real time PCR, PCR-RFLP дават възможност за разкриване на генетичните механизми, регулиращи процеси в организмите, отразяващи се върху желани продуктивни качества на селскостопанските птици. Месната и яйчната продуктивност са пряко зависими от редица генетични и негенетични фактори. Генетичните фактори включват широк набор от гени, контролиращи експресията на протеини, включени в ралични биохимични процеси.

7.21. Viryanski, D., R. Stoykova-Grigorova, M. Bozhilova-Sakova, M. Todorova, D. Petrov 2024. Effect of yucca and probiotic supplements on ammonia levels in rabbit farms. Bulgarian Journal of Animal Husbandry, 61 (4): 17-25.
ISSN 0514-7441 (Print) ISSN 2534-9856 (On-line)
https://www.webofscience.com/wos/alldb/full-record/CABI:20240466948

Rabbit breeding is a highly intensive production industry. Rabbit meat is characterized by specific taste and qualities. Due to its composition, it is considered to bring many health benefits to the people. The microclimate in rabbit farms is critical to animal health, productivity and welfare. In order to achieve optimal production from rabbits, suitable environmental conditions must be created by controlling temperature, humidity, lighting, noise, air quality, water and food. In recent decades, the use of biologically active supplements in different branches of animal husbandry has increased. Biologically active supplements have natural origin, are safe and have proven positive effects on farm animals. They are easy to grow, and are also a renewable and sustainable source of beneficial ingredients in animal nutrition. Such supplements are probiotics, ferments and medicinal herbs. Biologically active substances are known to restore and maintain the balance of intestinal microflora, to improve the functions of immune system and to improve the overall health of farm animals. Another desirable effect of the diet supplements, such as the medicinal plant Yucca schidigera supplementation and different types of probiotics, is the ability to reduce ammonia levels in the produced manure. Diet supplements are easily applicable, by adding the extracts to the fodder or bedding of farm animals.

Зайцевъдството е отрасъл с високоинтензивно производство. Заешкото месо се отличава с характерни вкусови качество. Поради състава си се счита, че носи множество ползи за здравето на хората. Микроклиматът в животновъдните ферми е от решаващо значение за здравето, продуктивността и хуманното отношение към животните. Чрез контролиране на температурата, влажността, осветлението, шума, качеството на въздуха, водата и храната, се създава комфортна среда, в която е възможно реализирането на оптимален растеж и производителност. В последните десетилетия биологично активни добавки все по-широко се използват в животновъдството. Те са с естествен произход, безопасни за употреба и с доказани положителни ефекти при селскостопанските животни. Отглеждат се лесно и са възобновяем и устойчив източник на полезни съставки в храненето на животните. Такива добавки са като пробиотици, ферменти и лечебни растения. Влияние им се свързва е възстановяване и поддържане баланса на чревната микрофлора, подобряване функциите на имунната система и профилактиката на здравето на селскостопанските животни. Друг търсен ефект на някои от добавките, като лечебното растение Yucca supplementation и пробиотиците, е възможността за намаляване на нивата на амоняка в оборския тор. Този метод е лесно приложим в практиката , чрез добавянето на екстрактите във фуража или в постелята на селскостопанските животни.

7.22. Stoykova-Grigorova, R., M. Bozhilova-Sakova, T. Ivanova, T. Odjakova , K. Stefanova, D. Viryanski, 2024. Quantitative trait loci related to milk productivity in dairy cattle. Bulgarian journal of agricultural science. (под печат)
ISSN 1310-0351 (Print) ISSN 2534-983X (On-line)

Cattle breeding is an important sector of agriculture, providing raw milk and milk products to constantly growing interest and demands of the consumers. Milk productivity is genetically determined, but this trait is also strongly influenced by environment. The genetic potential could be fully revealed only under optimal growing conditions. Identification of the

genetic endowments and productive traits of farm animals, as well as the good production, is essential for any producer. Modern methods of molecular biology allow the usage of DNA markers in scientific research to identify genetic polymorphisms in gene loci and associate them with phenotypic traits. With the development of modern research in animal husbandry, it becomes possible to study the patterns of organization and function of the genome and to understand the mechanisms for the realization of genetic information in normal and pathological conditions. This data analysis was successfully applied in the development of breeding programs in animal breeding practice, aiming faster genetic progress. This review aims to follow the studies related to the evaluation of candidate genes related to milk productivity in dairy cattle. Lactation in mammals is a process that directly depends on the hormonal balance of organisms. Genetic variation in some genes such as Prolactin, Lactoferrin and Leptin has a reliable influence on the quantitative and qualitative characteristics of milk. Milk proteins are a large group of organic compounds important for the structure and normal function of the mammalian body. Specific to cow's milk are casein proteins, which come together in four forms (αS1-, αS2-, β- and κ-casein) and two whey proteins - α-lactalbumin and β-lactoglobulin. Genome-Wide Association Studies (GWAS), Transcriptomic Analysis, Whole-Genome Sequencing and PCR-RFLP are some of the modern methods for detecting genetic markers related to milk productivity. These approaches make it possible to find polymorphisms associated with desired productive traits

Говедовъдството е важен отрасъл на селското стопанство, обезпечаващ нуждата от мляко и млечни продукти, към които интереса на потребителите непрекъснато нараства. Млечната продуктивност е наследствено обусловена, но също така този признак се влияе силно от условията на околната среда. Пълният генетичен потенциал се реализира само при идеални условия на хранене и отглеждане. Определянето на генетичните заложби и продуктивните показатели на селскостопанските животните, както и производството на качествена продукция е от съществено значение за всяко стопанство. Съвременните методи на молекулярната биология дават възможност в научните изследвания да се използват ДНК маркери за идентифициране на генетичните полиморфизми в локусите на гени и свързването им с фенотипни показатели, изучаване на закономерностите на организация и функциониране на генома, разгадаване на механизмите за реализация на генетичната информация в норма и патология. Получените данни от тези анализи с успех се прилагат при разработване на развъдни програми в животновъдната практика, с цел по-бърза реализация на генетичния прогрес. С настоящия литературен обзор си поставихме за цел да проследим проучванията свързани с оценката на кандидат гени, свързани с млечната продуктивност при млекодайни говеда. Лактацията при бозайниците е процес пряко зависим от хормоналния баланс на организмите. Генетичното вариране в локусите на гените на Prolactin, Lactoferrin and Leptin има достоверно влияние върху количествените и качествени характеристики на млякото. Млечните протеини са голяма група органични съединения, важни за структурата и правилната функция на организма на бозайниците. Специфични за кравето мляко са белтъците казеин, който се сраща в четири форми (αS1-, αS2-, β- и κ-казеин) и два суроватъчни белтъка - α-лактalбумин и β-лактоглобулин. Genome-Wide Association Studies (GWAS), Transcriptomic Analysis, Whole-Genome Sequencing and PCR-RFLP са някои от съвременните методи за откриване на генетични маркери свързани с млачната продуктивност. Тези подходи дават възможност за намиране на полиморфизми свързани с желани продуктивни показатели.

Г.8. - Научни публикации в нереферирани списания с научно рецензиране или в редактирани колективни томове

8.1. Стойков, П., С. Симеонова, З. Николов, Т. Савова, Р. Петрова. 2005. Изпитване влиянието на различни биологични продукти, съдържащи щамовете Bifidobacterium bifidum, Lactobacillus bulgaris, Streptococcus termophilus, Lactobacillus casei върху физиологичното и тегловно състояние на телета бозайници. Животновъдни науки, 5:45-49. ISSN 0514-7441 **Хартиен носител**
The objective of this study was to determine the effect of the addition of the milk acid bacteria Bifidobacterium bifidum, Lactobacillus bulgaricus, Streptococcus thermophilus and Lactobacillus casei to the ration of suck-ling calves at 10-15 days of age of in the form of a milk-acid product. It was found that the calves which received milk-acid bacteria with probiotic features along with the whole fat milk formed nonspecific resistance of the organism. The immunoglobulin contents in the blood serum were 362 mg%, 413 mg% and 450 mg% higher and the hemoglobin was 0,78%, 1,15% and 2,62% higher for the 1“, 2nd and 3rd group respectively compared to the 4'\ control, group. This ex-plained the better health status and weight development of the calves whose rations were added milk acid-products which contained bacteria of the Bifidobacterium bifidum, Lactobacillus bulgaricus and Streptococcus thermophilus strains for the 1st group, Lactobacillus bulgaricus and Streptococcus thermophilus strains for the 2nd group and Lactobacillus casei strains for the third group. For the ex-perimental period the 1st group obtained 14.10%, 2nd group - 12.70% and 3rd group - 17.71% higher gain compared to the control group. The utilization of nutrients was also bet¬ter for the 1st, 2nd and 3rd group with 7.78%, 2.99% and 9.58% respectively compared to the control group.
Целта на това изследване е да се определи ефектът от добавянето на млечнокиселите бактерии Bifidobacterium bifidum, Lactobacillus bulgaricus, Streptococcus thermophilus и Lactobacillus casei към дажбата на бозаещи телета, на 10-15 дневна възраст под формата на млечнокисел продукт. Установено е, че телета, които са получили млечно-кисели бактерии с пробиотични свойства заедно с пълномасленото мляко, формират неспецифична резистентност на организма. Съдържанието на имуноглобулин в кръвния серум е с 362 mg%, 413 mg% и 450 mg% по-високо, а хемоглобинът е с 0,78%, 1,15% и 2,62% по-висок съответно за 1-ва, 2-ра и 3-та група в сравнение към 4'\ контрола, група. Това обяснява по-доброто здравословно състояние и тегловно развитие на телетата, в чиито дажби са добавени млечнокисели продукти, съдържащи бактерии от щамовете Bifidobacterium bifidum, Lactobacillus bulgaricus и Streptococcus thermophilus за 1-ва група, Lactobacillus bulgaricus и Streptococcus thermophilus за 2-ра група и щамове Lactobacillus casei за 3-та група. За експерименталния период 1-ва група е с 14,10%, 2-ра група с 12,70% и 3-та група с 17,71% по-висок прираст в сравнение с контролната група. Усвояването на хранителни вещества също е по-добро за 1-ва, 2-ра и 3-та група, съответно със 7,78%, 2,99% и 9,58% в сравнение с контролната група.

8.2. Chemshirova N., A. Teneva , R. Stoikova, S. Foteva. 2005. Effect of various Alkalinephosphatase genotypes on nonspecific resistance of cows. Animal science, 5: 218-221. ISSN 0514-7441 **Хартиен носител**
The objects of the study were 56 Brown and 48 Black and White cows from the Research Centre of Cattle and Sheep Husbandry - Stara Zagora, Bulgaria.

A genetic polymorphism of blood plasma enzyme Alkaline phosphatase was estimated. Four basic allele vari-ants were estimated in Brown cows - ALP SS, ALP SD, ALP FS, ALP DD and three in Black and White cows - ALP SS, ALP SD, ALP DD. Presence of the allele ALPF was not found on Black and White cows.
An influence of the genotypes of ALP locus on the indices of nonspecific resistance in Black and White cows was not found.
There was an observed influence of ALP system on the erythrocytes, total protein, B2 - globulin and lysozyme activity ($P < 0.05$). This was due to the higher values of factorial variance compared with accidental one. This con-clusion needs further supporting evidence.

Обект на изследването са 56 крави от породата Българско кафяво говедо и 48 от породата Българско черношарено говедо, отглеждани в Научен център по говедовъдство и овцевъдство – Стара Загора, България.
Оценен е генетичният полиморфизъм на ензима алкална фосфатаза в кръвна плазма. Намерени са четири основни алелни варианта при кравите от Българско кафяво говедо - ALP SS, ALP SD, ALP FS, ALP DD и три при кравите от Българско черношарено говедо - ALP SS, ALP SD, ALP DD. Наличие на алела ALPF не е установено при Българско черношарено говедо.
Не е установено влияние на генотиповете на ALP локуса върху показателите на неспецифична резистентност при Българско черношарено говедо.
Наблюдавано е влияние на ALP върху еритроцитите, общия протеин, B2-глобулиновата и лизозимната активност ($P < 0.05$). Това се дължи на по-високите стойности на факторната дисперсия в сравнение със случайната. Това заключение се нуждае от допълнителни подкрепящи доказателства.

8.3. Teneva A., N.Chemshirova, R. Stoikova, S.Foteva. 2005. Estimation of influence of some agents on variation of activity of Aspartateaminotransferase in blood tissue of cattle. Animal science, 5: 214-217. ISSN 0514-7441
Хартиен носител

The level of the enzyme activity of aspartate ami-notransferase (AST) was determined in blood tissue of calves from Bulgarian Brown, Black and White and Jersey breeds.
The blood tests were obtained for 602 offsprings de- scendentof21 bulls. The statystical analysis implemented by the least squares method presents that the factor breed caused statistically sighificant influence on variation of the studied enzyme activity ($P<0.001$).
With highest activity of AST were the calves of bulls from the Jersey breed.
The values of the F-statystics are indicative that the males are the other factor that give statistical ly sign ificant influence on variation of the enzyme AST in their offspring.
It was established significant differences in the level of the enzyme AST between the calves.

Определено е нивото на ензимната активност на аспартат аминотрансфераза (АСАТ) в кръв на телета от породите Българско кафяво говедо, Черношарено говедо и Джерсей.
Кръвта е взета от 602 животни, потомство на 21 бика. Статистическият анализ, извършен чрез метода на най-малките квадрати, показа, че фактора породата е оказал статистически значимо влияние върху вариацията на изследваната ензимна активност ($P<0.001$).
С най-висока активност на AST са телетата потомци на бикове от породата Джерсей.
Стойностите на F-статистиката са показателни, че бащите са другия фактор, който оказва статистически значимо влияние върху вариацията на ензима AST в потомството.
Установени са значителни разлики в нивото на ензима AST между телетата.

8.4. Стойков П., С. Симеонова, Р. Петрова. 2006. Изследване на ефективността при угояване на телета от породата Българско сименталско говедо до различна жива маса. Животновъдни науки, 1:3-6. ISSN 0514-7441
Хартиен носител

The aim of the study was to determine the economical efficiency of fattening calves from the Bulgarian Simmental breed to a different live weight on rearing in a three-wall shed. For the purpose/a research experiment was carried out with three groups of 12 calves of an average initial mass of 188 kg and age of 208 days.
It was found that the bull calves reared in a three-wall shed grew up most intensively to a live mass of500-550 kg and had a daily gain (ADG) of 1112 g and 1099 g respectively. The calves fattened to 600 kg reached a 56 g and 43 g lower ADG compared to groups I and II respectively but the differences were not significant (/*>0.05).
The food consumption for 1 kg gain was relatively low and varied from 6.28 NU for group I to 7.35 NU for group III. The results showed that for the three variants of final live mass of fattening a good profitableness was achieved. It was highest for the calves which were fattened to 500 kg - 39.17%, and for the bull calves which were fattened to 550 kg and 600 kg it was 32.13% and 20.80 % respectively.

Целта на изследването е да се определи икономическата ефективност от угояване на телета от Българска сименталска порода до различно живо тегло при отглеждане в тристенен навес. За целта е проведен изследователски експеримент с три групи от по 12 телета със средна начална маса 188 kg и възраст 208 дни.
Установено е, че животните, отглеждани в тристенен навес, растат най-интензивно до жива маса 500-550 kg и имат дневен прираст (ДНП) съответно 1112 g и 1099 g. Телетата, угоявани до 600 kg, достигат 56 g и 43 g по-нисък ДНП в сравнение съответно с групи I и II, но разликите не са значими (/*>0,05).
Консумацията на храна за 1 kg наддаване е относително ниска и варира от 6,28 NU за група I до 7,35 NU за група III. Резултатите показаха, че при трите варианта на крайна жива маса на угояване е постигната добра рентабилност. Най-голяма е тя при телетата, угоени до 500 kg - 39,17%, а при телетата, угоени до 550 kg и 600 kg, е съответно 32,13% и 20,80%.

8.5. Стойков П., С. Симеонова, В. Гайдарска, М. Михайлова-Тонева, Р. Петрова. 2006. Ефективност на производството при различни технологии на угояване на телета от Българска сименталска порода. Икономика и управление на селското стопанство, 4:50-54. ISSN 0205-3845 (Print)
Хартиен носител

In Bulgaria there are favourable climatic conditions for the development of cattle-breeding. During the years of transition towards market economy the producers are aiming at stable and competitive production. The appropriate method of pro¬duction is one of the factors which have influence on the eco¬nomic results.
The purpose of this article is to present comparative econom¬ic analysis of different methods of fattening calves of Bulgarian Simmental breed up to 500 kg weight and to recom¬mend the most effective one.
The calves were allocated in four groups: the first group was bred in cattle-shed; the second group in open-air with a shed; the third group was bred in a combined way - up to the age of 15 months in open air and after that in cattle shed; the fourth group in covered cattleshed on floor with a grille. The calves of the different groups were put on equal conditions - age, weight, breed and descent by father.

The results show that the calves of the second group have been growing most intensively and for the period they achieved 1182 g daily gain. Then comes the first group with gain of 1014 g. The difference of 168 g is reliable ($P < 0.05$). Near to the results of the first group are the calves of the fourth group with gain of 982 g but the latter is considerably smaller in comparison with the second group 200 g and it is proved ($P < 0.01$). The smallest gain is observed in the third group - 937 g and it is smaller only in comparison with the second group ($P < 0.01$).

The consumption of foodstuffs for 1 kg gain is varied from 6,23 FU at II group to 6,59 FU, 6.76 FU and 6.93 FU at I, IV and III groups respectively.

Regarding the expenditure done - the greatest are in III group - 555.17 BGN, IV group - 532.95 BGN, I group - 514.81 BGN, II group - 510.27 BGN.

The greatest received profit is observed at II group - 133.62 BGN, followed by groups I, IV and III with profit of 87.19 BGN, 63.42 BGN and 55.68 BGN respectively. The same ten¬dency is observed at the rate of profit also- the highest is at II group - 26.19%, then come I, IV and III groups with 16.93%, 11.90% and 10.05% respectively.

Животновъдството в България има вековни традиции и благоприятни природоклиматични условия за развитие. В годините на преход към пазарна икономика, производителите се стремят към устойчиво и конкурентноспособно производство. Подходящо избраната технология на производство е един от факторите, влияещи върху крайните икономически резултати.

Целта на статията е да направи сравнителен икономически анализ на различни технологии на угояване на телета до 500 kg жива маса от Българска симменталска порода и да предложи икономически най-ефективната в полза на практиката.

Телетата бяха разпределени в четири групи: I група - отглеждани оборно-вързано; II група - на открита площадка с навес; III група - комбинирано, от началото на опита до 15 месечна възраст на открита площадка и след това оборно-вързано до достигане на крайната жива маса и IV група - в закрит обор на скаров под. Опитът е проведен с животни изравнени по възраст, жива маса, породност и произход по баща.

Резултатите показват, че бичетата от II група са наддавали на тегло най-интензивно и за периода са постигнали 1182 g среден дневен прираст. След тях е I група с 1014 g среднодневен прираст. Констатираната разлика от 168 g между групите е достоверна ($P < 0,05$). С резултати близки до I група са телетата от IV група, с отчетен 982 g среден дневен прираст, който е чувствително по-малък в сравнение с II група - 200 g и е доказан ($P < 0,01$). Най-нисък е среднодневният прираст при III група - 937g и по-малък само спрямо II група ($P < 0,01$).

Разходът на хранителни вещества за 1 kg прираст варира от 6,23 FU при II група до 6,59 FU; 6,76 FU и 6,93 FU съответно при I; IV и III групи.

Производствените разходи са най-големи при III група - 555,17 лв., следвани от IV група - 532,95 лв.; I група - 514,81 лв. и II група - 510,27 лв.

Получената печалба е най- голяма при II група - 133,62 лв., следвана от I, IV и III групи с отчетени стойности съответно от 87,19 лв.; 63,42 лв. и 55,68 лв. Тази тенденция се наблюдава и за нормата на рентабилност, която е най-висока при II група - 26,19%, а при I, IV и III групи е съответно 16,93%; 11,90% и 10,05%.

8.6. Стойкова-Григорова, Р., К. Стефанова, А. Апостолов, И. Атанасов, М. Игнатова, П. Маринова, 2015. Генотипиране по рианодин рецепторния ген при свине от Дунавска бяла порода. Животновъдни науки,LII, 5, 3-7. ISSN 0514-7441 (Print) ISSN 2534-9856 (On-line)
https://animalscience-bg.org/page/bg/details.php?article_id=278

Porcine stress syndrome is genetically determined and it is due to a mutation in the locus of the ryanodine receptor gene. When the pigs are stressed the Malignant hyperthermiain is activated in the homozygous for the recessive allele, known as PSS syndrome. Animals with this syndrome is characterized by a high content of muscle tissue, which is accompanied by characteristic changes in the quality of the meat. The aim of this study is to make genotyping for ryanodine receptor gene in pigs from Danube white breed. Genotyping by searches locus was performed by polymerase chain reaction method (PCR method) and the analysis of the polymorphism of the restriction fragment lengths (RFLP). DNA is isolated from plucked hair of 53 animals from the herd of the Agricultural Institute – Shumen. Established frequencies of genotypes are 0.962 for the homozygous for the dominant allele pigs (N / N) and 0.037 for heterozygous animals (N / n). The frequency of the dominant allele N is 0981 and of the recessive allele n is 0.019. Homozygous for the recessive allele animals have not been established. All tested animals from the herd are PSS negative.

Стрес синдромът при свинете е генетично обусловен и се дължи на мутация в локуса на гена на рианодиновия рецептор. Когато прасетата са подложени на стрес, злокачествената хипертермия се активира в животните хомозиготни по рецесивния алел, което е известено като PSS синдром. Животните с този синдром се характеризират с високо съдържание на мускулна тъкан, придружено от характерни промени в качеството на месото. Целта на настоящото изследване е да се извърши генотипиране на гена на рианодиновия рецептор при свине от Дунавска бяла порода. Генотипирането се извърши чрез метода на полимеразно верижната реакция (PCR метод) и анализ на полиморфизмите на дължините на рестрикционните фрагменти (RFLP). ДНК е изолирана от космени луковици на 53 животни от стадото на Земеделски институт – Шумен. Установените честоти на генотиповета са 0,962 за хомозиготните по доминантния алел прасета (N / N) и 0,037 за хетерозиготните животни (N / n). Честотата на доминантния алел N е 0981, а на рецесивния алел n е 0,019. Хомозиготни по рецесивния алел животни не са установени. Всички изследвани животни от стадото са PSS отрицателни.

8.7. Stoykova-Grigorova R. and M. Bozhilova-Sakova. 2020. A preliminary study of POU1F1 gene in Synthetic population bulgarian milk sheep breed, in press
Сборник научни доклади от Електронна юбилейна научна конференция с международно участие 70 години Институт по животновъдни науки – Костинброд „Животновъдната наука – предизвикателства и иновации“ 05.11.2020 г., 249-252. ISBN 978-619-90918-4-5, eISBN 978-619-90918-5-2,
https://www.ias.bg/conference_2020/pdf/Proceedings%202020.pdf

Sheep POU1F1 gene is located on chromosome 1q21-22 and it is directly related to milk productivity in sheep. The present study was carried out with 24 ewes from Synthetic population Bulgarian milk sheep breed, part of the Institute of Animals science – Kostinbrod. The aim of this work was detection of possible polymorphism in POU1F1 gene by PCR-RFLP. Blood samples were collected from v.jugularis. Genomic DNA was extracted from the whole blood by manual purification kit. One specific set of primers was used for PCR amplification. The PCR products were digested by restriction enzyme DdeI and the obtained fragments were visualized on 3.5 % agarose gel stained with GelRed. In all tested animals it

was detected only wild allele D1 and wild homozygous genotype D1D1, respectively. Therefor POU1F1 locus can be defined as monomorphic in this population.
Генът POU1F1 се намира на хромозома 1q21-22 и е пряко свързан с млечната продуктивност при овцете. Настоящото изследване беше проведено с 24 овце-майки от Синтетична популация българска млечна порода към Институт по животновъдство – Костинброд. Целта на това изследване беше откриване на възможен полиморфизъм в гена POU1F1 чрез PCR-RFLP. Бяха взети кръвни проби от v. jugularis. Геномна ДНК беше екстрахирана от цяла кръв чрез комерсиален кит за изолиране. Специфичен набор от праймери беше използван за PCR амплификация. PCR продуктите бяха рязани чрез рестрикционен ензим DdeI и получените фрагменти бяха визуализирани върху 3.5% агарозен гел, оцветен с GelRed. При всички тествани животни беше открит само див алел D1 и съответно див хомозиготен генотип D1D1. Следователно POU1F1 локусът може да бъде определен като мономорфен в тази популация.