

Сельскохозяйственный журнал. 2023. №3 (16). С. 128-136
Agricultural journal. 2023; 16 (3). P. 128-136

Зоотехния и ветеринария

Научная статья

УДК 636.082.12:636.22/.28.033

DOI 10.48612/FARC/2687-1254/013.3.16.2023

АССОЦИАЦИЯ ОДНОНУКЛЕОТИДНЫХ ПОЛИМОРФИЗМОВ В ГЕНЕ ГОРМОНА РОСТА С ЖИВОЙ МАССОЙ У МЯСНОГО СКОТА КАЛМЫЦКОЙ ПОРОДЫ

Анатолий Фоадович Шевхужев, Лариса Николаевна Скорых

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр», Россия, Ставропольский край, Михайловск,
e-mail: info@fnac.center

Аннотация. Мясная промышленность – важная отрасль агропродовольственного сектора. Высокая конкуренция современного рынка и растущие запросы потребителей вынуждают производителей поставлять продукцию лучшего качества. Решение проблемы повышения уровня воспроизводства и увеличения выхода мясной продукции, а также повышение производительности скотоводства заключается в применении современных ДНК-технологий. В последнее время наибольший интерес проявляется к исследованиям, направленным на выявление генетического полиморфизма в генах, связанных с формированием количественно-качественных параметров мясной продуктивности крупного рогатого скота у разных пород. Вследствие вышеизложенного основная цель исследований заключалась в изучении полиморфизмов гена гормона роста (GH), определении ассоциаций с живой массой у мясного скота калмыцкой породы. Проведенные молекулярно-генетические исследования участка гена *GH* позволили выявить в его структуре у крупного рогатого скота калмыцкой породы три однонуклеотидных полиморфизма: с.457C>G, L127V, T172M. Установлено, что полиморфизмы гена GH имеют по два аллеля А и В с разной частотой встречаемости. По результатам распределения частот аллелей у животных определены по три генотипа AA, АВ и ВВ в трех выявленных полиморфизмах. Доказано, что среди животных исследуемой популяции наибольшая частота встречаемости оказалась у гетерозиготных АВ генотипов в обнаруженных полиморфизмах с.457C>G, L127V, T172M гена *GH*, имеющих практически равное значение 42, 41 и 41 % соответственно. Тогда как меньшую частоту встречаемости имели гомозиготные AA и ВВ генотипы в анализируемых позициях (26 и 25; 32 и 32; 34 и 27 % соответственно). Выявлена ассоциация генотипов обнаруженных полиморфизмов в гене *GH* с живой массой в исследуемой популяции мясного скота. Носители дикого гетерозиготного АВ и мутантного гомозиготного ВВ генотипов полиморфизмов L127V и T172M гена GH характеризовались большей живой массой, по сравнению с особями «дикого» гомозиготного AA генотипа, на 9,1, 14,2 и 14,0, 23,3 %.

Ключевые слова: гормон роста (GH), однонуклеотидный полиморфизм (SNP), живая масса, крупный рогатый скот, генотип, фенотип

Для цитирования: Шевхужев А.Ф., Скорых Л. Н. Ассоциация однонуклеотидных полиморфизмов в гене гормона роста с живой массой у мясного скота калмыцкой породы // Сельскохозяйственный журнал. 2023. № 3 (16). С. 128-136.

DOI 10.48612/FARC/2687-1254/013.3.16.2023

Zootechny and veterinary science

Original article

ASSOCIATION OF SINGLE NUCLEOTIDE POLYMORPHISMS IN THE GROWTH HORMONE GENE WITH LIVE WEIGHT OF THE KALMYK BEEF CATTLE BREED

Anatolii F. Shevkhuzhev, Larisa N. Skorykh

FSBSI “North Caucasus Federal Agricultural Research Centre”, Russia, Stavropol Territory, Mikhailovsk, e-mail: info@fnac.center

Abstract. The meat industry is an important branch of the agrifood sector. The high competition of the modern market and growing demands of consumers are forcing producers to provide products of better quality. The solution to the problem of increasing the level of reproduction and increasing the yield of meat products, as well as increasing the productivity of cattle breeding, lies in the use of modern DNA technologies. Recently, the greatest interest has been shown in studies, which are aimed at identifying genetic polymorphism in genes associated with the formation of quantitative and qualitative parameters of meat productivity of cattle in different breeds. As a result of the abovementioned information, the main goal of the research was to study polymorphisms of the growth hormone (GH) gene, to determine associations with live weight of the Kalmyk beef cattle breed. The conducted molecular genetic studies of the GH gene region made it possible to identify three single nucleotide polymorphisms in its structure in the Kalmyk cattle: c.457C>G, L127V, T172M. It was established that GH gene polymorphisms had two alleles A and B with different frequency of occurrence. According to the results of the distribution of allele frequencies in animals, three genotypes AA, AB and BB were determined in three identified polymorphisms. It was established that among the animals of the studied population, the highest frequency of occurrence was found in heterozygous AB genotypes in the discovered c.457C>G, L127V, T172M polymorphisms of the GH gene, which had almost equal values of 42,41 and 41%, respectively. Whereas homozygous AA and BB genotypes had a lower frequency of occurrence in the analyzed positions (26 and 25; 32 and 32; 34 and 27%, respectively). An association of genotypes of the discovered polymorphisms in the GH gene with live weight in the studied population of beef cattle was identified. Carriers of wild heterozygous AB and mutant homozygous BB genotypes of the L127V and T172M polymorphisms of the GH gene were characterized by a higher live weight compared to animal individuals of the “wild” homozygous AA genotype by 9,1, 14,2 and 14,0, 23,3%.

Keywords: growth hormone (GH), single nucleotide polymorphism (SNP), live weight, cattle, genotype, phenotype.

For citation: Shevkhuzhev A.F., Skorykh L.N. Association of single nucleotide polymorphisms in the growth hormone gene with live weight of the Kalmyk beef cattle breed // Agricultural Journal. 2023. No. 3 (16). P.128-136.
DOI 10.48612/FARC/2687-1254/013.3.16.2023

Введение. Развитие мясной промышленности – приоритетное направление агропромышленного сектора нашей страны. В то же время в обеспечении населения белком животного происхождения значительная роль принадлежит мясному скотоводству. Кроме того, на современном этапе повышение производства качественной и конкурентоспособной говядины – одна из актуальных проблем. Увеличивающаяся конкурентоспособность современного рынка говядины, а также возрастающие потребительские спросы побуждают производителей обеспечить высококачественную мясную продукцию. При этом качество мяса – важный аспект не только для перерабатывающей промышленности, но и для потребителей. Поскольку возрастающий интерес к мясному скотоводству возник лишь в последние годы, то в ближайшее время развитие отечественного мясного скотоводства является одним из стратегических направлений [1, 2, 3].

Однако развитие животноводства в современных условиях невозможно без внедрения новых современных подходов, основанных на использовании молекулярно-генетических методов оценки признаков продуктивности сельскохозяйственных животных, что будет способствовать увеличению производства говядины, а также ускорению селекционного процесса [4].

Возможности, которые предлагают методы молекулярной биологии, могут быть использованы для анализа целых геномов в поисках полиморфизмов, оказывающих влияние на экономически значимые признаки, а следовательно, и рентабельность отрасли животноводства. Такие технологии успешно применяются во многих национальных селекционных программах стран с развитым животноводством, поскольку позволяют проводить оценку генотипа в раннем возрасте. Наибольшие успехи достигнуты в молочном и мясном скотоводстве, где выявлено значительное число генов, ассоциированных с количественными и качественными признаками молочной и мясной продуктивности [5, 6].

Выявление однонуклеотидных полиморфизмов в генах, ассоциированных с признаками мясной продуктивности, позволило исследовать их взаимосвязь с количественным выходом мяса (MSTN), нежностью и цветом (CAPN, CAST, LEP), а также мраморностью (LEP, GH).

Гормон роста (GH) считается ключевым гормональным регулятором энергетического обмена. Полиморфизм гена, кодирующего эти белки, связывают с воспроизводительными качествами, признаками мясной, молочной продуктивности у крупного рогатого скота.

GH выступает одним из маркерных генов мясной продуктивности, так как при ускорении метаболизма может способствовать росту большинства органов и тканей, непосредственно участвующих в стимулировании роста белка, мышц и катаболизме жира [7, 8]. Ген (GH) локализуется у крупного рогатого скота на 19 хромосоме, состоит из 5 экзонов и имеет длину 1 869 пар нуклеотидов. Ускоренный синтез РНК на рибосомах приводит к активному поступлению аминокислот в клетку, что существенно увеличивает скорость синтеза белка, распад высших жирных кислот и глюкозы в мышечной ткани. GH оказывает определенное влияние на действие других гормонов, включая

активацию анаболических процессов, при этом происходит изменение скорости протекания обменных процессов в организме. Изменения в функциональной области рецептора гена *GH* (*GHR*) могут менять пути связывания и передачи сигналов самого гена, а впоследствии и активность *GH* в тканях [9, 10, 11, 12, 13].

Ряд исследований свидетельствует, что обнаруженные SNP в гене *GH* ассоциированы с ростом и морфометрическими признаками у крупного рогатого скота [14]. Влияние *GH* на развитие наблюдается в нескольких тканях, включая костную, мышечную и жировую. Так, ученые установили, что полиморфизм гена гормона роста в 5 экзоне был распознан ферментом рестрикции *AluI*, который выявил два аллеля, называемых *L* и *V*, расположенных в 127-м кодоне. Опыт, проведенный на индонезийском помесяном крупном рогатом скоте, показывает, что животные – носители *LL* гомозиготного варианта отличались большей живой массой и среднесуточным приростом ($34,82 \pm 18,13$ кг), в отличие от сверстников с *LV* и *VV* генотипами ($25,31 \pm 13,10$; $29,35 \pm 13,65$ кг) [15]. Выявлено, что *GH* и *GHR* ассоциированы с живой массой и мраморностью. Проведенные исследования свидетельствуют о связи SNP с $457C>G$ с мясными характеристиками крупного рогатого скота, а именно: жиром на крупе, массой туши, площадью мышечного глазка. Определена наиболее высокая толщина жира у носителей гомозиготного генотипа *CC* [16].

Таким образом, целью данного исследования явились изучение полиморфизмов гена *GH*, определение ассоциаций с показателями роста мясного скота калмыцкой породы.

Материал и методы исследований. Экспериментальная часть исследований проводилась на базе СПК колхоза-племзавода «Дружба» Апанасенковского района Ставропольского края. Лабораторные исследования выполнялись в условиях лабораторий ВНИИОК – филиала ФГБНУ «Северо-Кавказский ФНАЦ». Объект исследования – бычки калмыцкой породы 8-месячного возраста, численностью 156 голов. У данной группы животных взяты образцы биологического материала и выделена геномная ДНК. В качестве биоматериала для проведения ДНК-генотипирования у животных использовалась кровь, забор которой был выполнен из яремной вены. Пробы крови отбирали в закрытые системы забора крови *S-Monovette®* производства *SARSTEDT* (Германия) с антикоагулянтом ЭДТА. Выделение ДНК осуществляли методом нуклеосорбции с использованием сертифицированного набора «ДНК – Экстран – 1» (ЗАО «Синтол», Россия). Для определения наличия аллельного полиморфизма гена гормона роста (*GH*) использовалась ПЦР-ПДРФ-диагностика с последующим анализом длин рестрикционных фрагментов, включающих обработку амплифицированных отрезков ферментами рестриктаз и последующее разделение полученных участков при помощи гель-электрофореза. Для каждого выявленного полиморфизма методом статистического анализа была изучена частота встречаемости аллельных вариантов в популяции и частота встречаемости гомо- и гетерозиготных генотипов. Показатели роста у животных рассматривались на основании полученных данных о живой массе путем взвешивания.

Результаты исследований и их обсуждение. В результате проведенных генотипирования и выравнивания на референсный геном (www.ncbi.ru) идентифицировано три однонуклеотидных полиморфизма – с $457C>G$, *L127V*, *T172M* – в гене соматотропина (*GH*).

Полиморфизм гена *GH* с учетом количества обнаруженных SNP в популяции мясного скота представлен двумя аллелями *A* и *B* с разной частотой встречаемости (рис. 1).

Частота встречаемости аллелей в однонуклеотидных полиморфизмах с.457C>G, L127V гена *GH* различалась незначительно. Несколько большей частотой (0,53, 0,55) характеризовался аллель В и меньшей – аллель А (0,47, 0,45). Тогда как сопоставление частот встречаемости аллелей в единичном полиморфизме T172M гена *GH* распределилась следующим обратным образом: частота аллеля А была больше и составила 0,52. Несколько меньшая частота встречаемости аллеля В – 0,48.

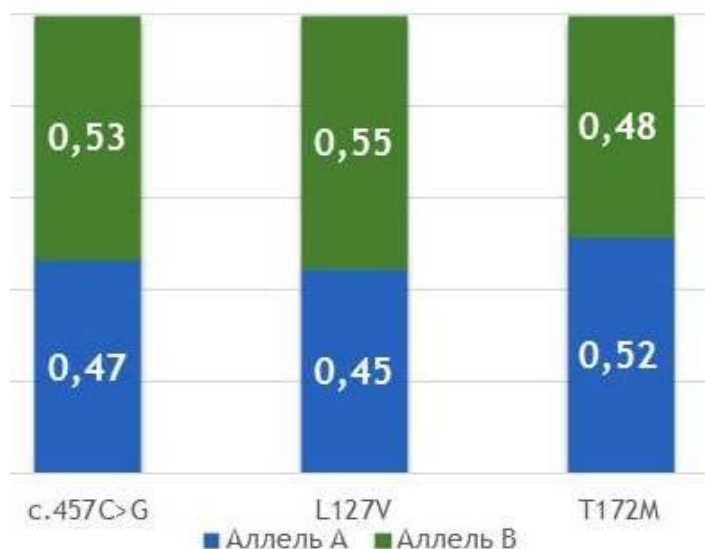


Рисунок 1. Частота встречаемости аллелей однонуклеотидных полиморфизмов в гене *GH* у мясного скота калмыцкой породы

Изучение полиморфных вариантов в разных частях гена *GH* позволило определить генотипы AA, AB и BB, частота встречаемости которых в трех обнаруженных SNP оказалась различной (рисунок 2).



Рисунок 2. Частота встречаемости генотипов однонуклеотидных полиморфиз-

мов в гене *GH* у мясного скота калмыцкой породы

Выявлена общая закономерность, свидетельствующая о том, что среди исследуемой выборки большая частота встречаемости наблюдалась у гетерозиготного варианта дикого типа (АВ), имеющего практически одинаковый показатель в обнаруженных однонуклеотидных полиморфизмах с.457С>G, L127V, T172M, составившая 42,0, 41,0 и 41,0 %. Так, в рассматриваемой группе мясного скота наибольшую частоту встречаемости имел гетерозиготный генотип АВ в полиморфизмах с.457С>G, L127V гена *GH*, который насчитывал 42,0 и 41,0 %. Тогда как особи с мутантным гомозиготным ВВ генотипом характеризовались меньшей частотой встречаемости – 32,0 и 34,0 %. Реже (26,0 и 25,0 %) встречались животные с гомозиготным АА вариантом дикого типа.

Кроме того, выявлено, что среди животных исследуемой популяции наибольшая частота встречаемости оказалась у гетерозиготного АВ генотипа в полиморфизме T172M гена *GH*, равный 41,0 %, но при этом меньшая (32,0 %) частота встречаемости наблюдалась у особей с гомозиготным АА генотипом, тогда как особи с мутантным гомозиготным ВВ генотипом встречались реже (27,0 %).

Дальнейшие исследования были направлены на выявление связи полиморфных вариантов гена *GH* с признаками роста (таблица).

Таблица

Живая масса молодняка калмыцкой породы
с различными генотипами в полиморфизмах гена *GH*, кг

Ген	Полиморфизм	Генотип		
		АА	АВ	ВВ
GH	с.457С>G	214,0±9,3	206,3±8,5	204,4±8,4
	L127V	195,4±11,8	213,3±13,5	223,2±11,2
	T172M	180,7±12,7	206,0±13,7	222,7±8,7

Анализ сопоставления живой массы у исследуемых животных в зависимости от генотипов обнаруженных полиморфизмов в гене *GH* выявил, что носители АВ и ВВ генотипов в полиморфизмах L127V и T172M характеризовались большим значением изучаемого признака в сравнении с особями гомозиготного АА варианта. Так, носители дикого гетерозиготного АВ и мутантного гомозиготного ВВ генотипов имели живую массу на 9,1, 14,2 и 14,0, 23,3 % выше, чем особи «дикого» гомозиготного АА генотипа.

Однако при рассмотрении исследуемой группы животных с различными генотипами в единичном полиморфизме с.457С>G гена *GH* выявленная ассоциация генотипов полиморфизмов L127V и T172M с живой массы не сохраняется. Так, установлено, что носители дикого гомозиготного АА генотипа полиморфизма с.457С>G превосходили животных с диким гетерозиготным АВ и мутантным гомозиготным ВВ генотипами по величине живой массы на 3,6 и 4,5 %.

Заключение. В результате проведенного генотипирования у мясного скота калмыцкой породы идентифицировали три однонуклеотидных полиморфизма – с.457С>G, L127V, T172M – в гене *GH*. Полученные результаты позволили выявить наличие ассоциации генотипов однонуклеотидных полиморфизмов L127V, T172M в гене *GH* с живой массой крупного рогатого скота калмыцкой породы.

Список источников

1. Дежина И.Г., Арутюнян А.Г., Пономарев А.К. Ландшафт высокотехнологичного развития животноводства в России // Журнал Новой экономической ассоциации. (2022). № 1 (53). С. 240–248. DOI: 10.31737/2221-2264-2022-53-1-14.
2. Сангаджиев Д.А., Погодаев В.А., Арилов А.Н. Мясная продуктивность бычков калмыцкой мясной породы, полученных при внутрилинейном подборе и кроссах линий // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. 2021. № 1 (87). С. 251–256. doi: 10.37670/2073-0853-2021-87-1-251-256.
3. Погодаев В.А., Сангаджиев Д.А. Особенности роста бычков калмыцкой мясной породы крупного рогатого скота, полученных от кроссов разных линий // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. 2021. № 1 (87). С. 243–246. doi: 10.37670/2073-0853-2021-87-1-243-246.
4. Новые подходы к производству говядины на основе современных биоинженерных технологий / И.Ф. Горлов, В.И. Левахин, Д.А. Ранделин и др. // Калмыцкий государственный университет. Элиста: Калмыцкий государственный университет имени Б.Б. Городовикова, 2015. 250 с.
5. VanRaden P.M., Sullivan P.G. International genomic evaluation methods for dairy cattle // Genet. Sel. Evol, 2010. №42. С.7. doi: 10.1186/1297-9686-42-7.
6. Плахтюкова В. Селионова М. Влияние генотипов CAPN1 и GH на показатели мясной продуктивности казахской белоголовой крупного рогатого скота // Международная научная конференция «Фундаментальные и прикладные научные исследования в развитии сельского хозяйства на Дальнем Востоке». Спрингер, Чам, 2021. С. 121.
7. Butler A. A., Roith D. L. Control of growth by the somatotropic axis: growth hormone and the insulin-like growth factors have related and independent roles // Annual review of physiology. 2001. Т. 63. №.1. С. 141-164. <http://dx.doi.org/10.1146/annurev.physiol.63.1.141>
8. Expression and ontogeny of growth hormone (Gh) in the protogynous hermaphroditic ricefield eel (*Monopterus albus*) / D. Chen et al. // Fish physiology and biochemistry. 2015. Т. 41. №. 6. С. 1515-1525. <http://dx.doi.org/10.1007/s10695-015-0104-3>
9. Assessment of growth hormone gene polymorphism effects on reproductive traits in Holstein dairy cattle in Tunisia / S. Amiri, B. Jemmali, M.A. Ferchichi et al. // Archives Animal Breeding. 2018. V. 61. С. 481–489. doi: 10.5194/aab-61-481-2018.
10. Геномная селекция в овцеводстве / М.И. Селионова, Л.Н. Скорых, И.О. Фоминова и др. // Сборник научных трудов Всероссийского научно-исследовательского института овцеводства и козоводства. 2017. Т. 1. № 10. С. 275–280.
11. Исследование полиморфизма генов гормона роста, лептина у овец породы советский меринос/ М.И. Селионова, Д.А. Ковалев, Л.Н. Скорых и др. // Вестник АПК Ставрополя. 2019. № 3 (35). С. 25–29.
12. Growth hormone gene polymorphisms of Indonesia fat tailed sheep using PCR-RFLP and their relationship with growth traits / A.D. Malewa, L. Hakim, S. Maylinda и др. // Livestock Research for Rural Development. 2014. №26. p.101-109.
13. Polymorphism of the GHR gene in cattle and relationships with meat production and quality / Di Stasio L. et al. // Animal Genetics. 2005. Т. 36. №. 2. С. 138-140. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2005.01244.x>
14. Association of GH polymorphisms with growth traits in buffaloes / S. M. El-Komy, A.A. Saleh, R. M. Abd El-Aziz et al. // Domestic Animal Endocrinology. 2021. Т. 74. С. 106-

541.

15. The genotype of growth hormone gene that affects the birth weight and average daily gain in crossbred beef cattle / T. Hartatik, A. Fathoni, S. Bintara et al. // *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*. – 2020. – Т. 21. – №. 3.

16. The growth hormone 1 GH1: c. 457C> G mutation is associated with intramuscular and rump fat distribution in a large sample of Australian feedlot cattle / W. Barendse et al. // *Animal Genetics*. – 2006. Т. 37. №. 3. С. 211-214. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2006.01432.x>

References

1. Dezhina I.G., Arutyunyan A.G., Ponomarev A.K. Prospect of high-tech development of animal husbandry in Russia // *Journal of the New Economic Association*. (2022). No. 1 (53). pp. 240–248. DOI: 10.31737/2221-2264-2022-53-1-14.
2. Sangadzhiev D.A., Pogodaev V.A., Arilov A.N. Meat productivity of bull-calves of the Kalmyk meat breed obtained by intralinear selection and crosses of lines // *Izvestiya Orenburg State Agrarian University*. 2021. No. 1 (87). pp. 251–256. doi: 10.37670/2073-0853-2021-87-1-251-256.
3. Pogodaev V.A., Sangadzhiev D.A. Features of the growth of bull-calves of the Kalmyk meat breed of cattle obtained from crosses of different lines // *Izvestiya Orenburg State Agrarian University*. 2021. No. 1 (87). pp. 243–246. doi: 10.37670/2073-0853-2021-87-1-243-246.
4. New approaches to beef production based on modern bioengineering technologies / I.F. Gorlov, V.I. Levakhin, D.A. Randelin et al. // *Kalmyk State University*. Elista: Kalmyk State University named after B.B. Gorodovikov, 2015. 250 p.
5. VanRaden P.M., Sullivan P.G. International genomic evaluation methods for dairy cattle // *Genet. Sel. Evol*, 2010. No. 42. P.7. doi: 10.1186/1297-9686-42-7.
6. Plakhtyukova V. Selionova M. Influence of CAPN1 and GH genotypes on meat productivity indicators of the Kazakh Whiteheaded cattle // *International Scientific Conference “Fundamental and applied scientific researches in the development of agriculture in the Far East”*. Springer, Cham, 2021. p. 121
7. Butler A. A., Roith D. L. Control of growth by the somatotropic axis: growth hormone and the insulin-like growth factors have related and independent roles // *Annual review of physiology*. 2001. Vol. 63. No. 1. pp. 141-164. <http://dx.doi.org/10.1146/annurev.physiol.63.1.141>
8. Expression and ontogeny of growth hormone (Gh) in the protogynous hermaphroditic ricefield eel (*Monopterus albus*) / D. Chen et al. // *Fish physiology and biochemistry*. 2015. Vol. 41. No. 6. pp. 1515-1525. <http://dx.doi.org/10.1007/s10695-015-0104-3>
9. Assessment of growth hormone gene polymorphism effects on reproductive traits in Holstein dairy cattle in Tunisia / S. Amiri, B. Jemmali, M.A. Ferchichiet al. // *Archives Animal Breeding*. 2018. V. 61. pp. 481–489. doi: 10.5194/aab-61-481-2018.
10. Genomic selection in sheep breeding / M.I. Selionova, L.N. Skorykh, I.O. Fominova et al. // *Collection of scientific works of the All-Russian Research Institute of Sheep and Goat Breeding*. 2017. V. 1. No. 10. pp. 275-280.
11. The study of polymorphism of genes of growth hormone, leptin in sheep of the Soviet Merino breed / M.I. Selionova, D.A. Kovalev, L.N. Skorykh et al, // *Agricultural Bulletin of Stavropol Region*. 2019. No. 3 (35). pp. 25-29.
12. Growth hormone gene polymorphisms of Indonesia fat tailed sheep using PCR-RFLP and their relationship with growth traits / A.D. Malewa, L. Hakim, S. Maylinda and M.H. Husain

// Livestock Research for Rural Development. 2014. No. 26. pp. 101-109.

13. Di Stasio L. et al. Polymorphism of the GHR gene in cattle and relationships with meat production and quality //Animal Genetics. 2005. Vol. 36. No. 2. pp. 138-140. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2005.01244.x>

14. Association of GH polymorphisms with growth traits in buffaloes / S. M. El-Komy, A.A. Saleh, R. M. Abd El-Aziz et al. // Domestic Animal Endocrinology. 2021. Vol. 74. pp. 106-541.

15. The genotype of growth hormone gene that affects the birth weight and average daily gain in crossbred beef cattle / T. Hartatik, A. Fathoni, S. Bintara et al. // Biodiversitas Journal of Biological Diversity. 2020. Vol. 21. No. 3.

16. The growth hormone 1 GH1: c. 457C> G mutation is associated with intramuscular and rump fat distribution in a large sample of Australian feedlot cattle / W. Barendse et al. //Animal Genetics. – 2006. Vol. 37. No. 3. pp. 211-214. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2006.01432.x>

Информация об авторах:

А.Ф. Шевхужев – главный научный сотрудник, профессор, тел.: +79624394555, e-mail: shevkhuzhevaf@yandex.ru

Л.Н. Скорых – главный научный сотрудник, тел.: 8(8652)71-81-55, e-mail: smu.sniizhk@yandex.ru

Information about the authors

A.F. Shevkhuzhev – Chief Researcher, tel. +79624394555, e-mail: shevkhuzhevaf@yandex.ru

L.N. Skorykh – Chief Researcher, tel. 8(8652)71-81-55, e-mail: smu.sniizhk@yandex.ru

Вклад авторов: Все авторы сделали эквивалентный вклад в подготовку публикации. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Authors' contribution: All authors have made an equivalent contribution to the preparation of the publication. The authors declare that there is no conflict of interest.

Статья поступила в редакцию 19.07.2023; одобрена после рецензирования 10.08.2023; принята к публикации 18.09.2023.

The article was submitted 19.07.2023; approved after reviewing 10.08.2023; accepted for publication 18.09.2022.