

УДК 636.082.11:636.22/.28.082.13

DOI: 10.33284/2658-3135-102-4-79

**Взаимосвязь полиморфизма гена bGH с показателями липидного обмена у крупного рогатого скота герефордской породы**

*Д.Б. Косян, Л.Г. Сурундаева, Е.А. Русакова*

*Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий Российской академии наук (г. Оренбург)*

**Аннотация.** Проведены анализ взаимосвязи полиморфизма гена bGH с показателями липидного обмена и оценка частоты встречаемости гена bGH у бычков герефордской породы. Анализ распределения генотипов показал, что желательный генотип bGH<sup>GG</sup>, определяющий наличие желательного признака, имеют 12,2 % особей, гетерозиготное состояние характерно для bGH<sup>GC</sup> 33,3 %, а bGH<sup>CC</sup> – для 54,5 %. Генное равновесие в популяции нарушено не было. Отмечено, что содержание насыщенных жирных кислот в образцах различается в зависимости от генотипа. В контрольной группе преобладает содержание пальмитиновой кислоты на 4,2 % в сравнении с группой образцов мяса с гетерозиготным проявлением признака и на 7,6 % – в образцах мяса животных с желательным генотипом. В образцах мяса животных с генотипом bGH<sup>GG</sup>, который является желательным, преобладает содержание стеариновой кислоты на 12,9 % в сравнении с образцами мяса животных с генотипами bGH<sup>GC</sup> и на 8,4% – с генотипом bGH<sup>CC</sup>. При оценке мононенасыщенных жирных кислот (МНЖК) было отмечено, что образцы мяса животных с желательным генотипом отличаются по содержанию олеиновой кислоты.

Установлено, что тестирование аллелей гена bGH представляет интерес для учёта генетического потенциала животных по нескольким параметрам мясной продуктивности, а именно: темпа роста, большого веса туши, выхода мяса, мраморности мяса.

**Ключевые слова:** бычки, герефордская порода, полиморфизм, ген bGH, липидный обмен, жирно-кислотный состав.

UDC 636.082.11:636.22/.28.082.13

**Interconnection of bGH gene polymorphism and lipid metabolism indices of the Hereford cattle**

*Dianna B Kosyan, Lyubov G Surundayeva, Elena A Rusakova*

*Federal Research Centre of Biological Systems and Agrotechnologies of the Russian Academy of Sciences (Orenburg, Russia)*

**Summary.** The analysis of the relationship of bGH gene polymorphism with lipid metabolism indices and the estimation of the frequency of bGH gene occurrence in Hereford bulls was carried out. Analysis of genotype distribution showed that 12,2% of individuals have a desirable bGH<sup>GG</sup> genotype, a heterozygous state is characteristic of bGH<sup>GC</sup> 33.3%, and bGH<sup>CC</sup> is characteristic – of 54,5%. The gene balance in the population was not disturbed. It was noted that the content of saturated fatty acids in the samples differs depending on the genotype. In the control group, palmitic acid content prevails by 4,2% in comparison with the group of meat samples with heterozygous manifestation of the trait, and by 7,6% in animal meat samples with the desired genotype. In animal meat samples with the bGH<sup>GG</sup> genotype, which is desirable, stearic acid content prevails by 12,9% compared to animal meat samples with bGH<sup>GC</sup> genotypes and 8,4% – with the bGH<sup>CC</sup> genotype. When evaluating monounsaturated fatty acids (MNFA), it was noted that meat samples of animals with the desired genotype differ in the content of oleic acid.

It is established that testing of alleles of the bGH gene is of interest for taking into account the genetic potential of animals in several parameters of meat productivity, namely: growth rate, large carcass weight, meat yield, marbling of meat.

**Key words:** gobies, Hereford breed, bullhead, polymorphism, bGH gene, lipid metabolism, fatty acid composition.

### **Введение.**

Особенности жирового обмена животных как показателя энергии роста играют важную роль в развитии животноводства, так как направленность и интенсивность липидного обмена оказывают существенное влияние на качественные характеристики продукции животноводства. Особенно важным показателем продуктивности, характеризующим жировой обмен, является мраморность мяса (Гладырь Е.А. и др., 2013). Это связано с тем, что в зависимости от направления использования животноводческой продукции наблюдается устойчивый спрос как на мясо с высокой степенью мраморности, так и на постное. Учитывая тот факт, что мясное скотоводство в России в виде специализированной отрасли только начинает создаваться, разработка и внедрение новых методов оценки качественных характеристик мяса имеет большое значение (Сурундаева Л.Г. и др., 2012).

Одним из эффективных подходов к оценке направленности и интенсивности липидного обмена и, как следствие, отбора животных по этим признакам является использование ДНК-маркеров. Разработка систем анализа возможных ДНК-маркеров липидного обмена у животных и изучение влияния полиморфных вариантов таких маркеров на показатели продуктивности являются актуальной задачей современной зоотехнии, поскольку полиморфизм генов, связанных с важными хозяйственными и полезными признаками, позволяет осуществлять отбор животных с учётом ценных генотипов (Зиновьева Н.А. и др., 2010). Среди них особое место занимает ген гормона роста (bGH) (Dybus A et al., 2005).

Бычий гормон роста (bGH) представляет собой полипептид, состоящий из 191 аминокислоты, и оказывает влияние на лактацию и развитие груди, рост и развитие животного. Этот ген был широко изучен Etherton TD and Bauman DE (1998). Эффект галактопоза гена bGH можно объяснить его непосредственным участием в метаболизме различных элементов в тканях организма. Предположительно, ген bGH также считается привлекательным геномом-кандидатом для оценки качества говядины, так как существует значительное количество исследований, направленных на поиск ассоциации между вариантами этого гена и продуктивными признаками (Arango JG et al., 2014; Grossi DA et al., 2015; Hartatik T et al., 2018).

### **Цель исследования.**

Оценка влияния полиморфизма гена гормона роста на липидный обмен у крупного рогатого скота герефордской породы.

### **Материалы и методы исследования.**

**Объект исследования.** Бычки-производители герефордской породы.

Обслуживание животных и экспериментальные исследования были выполнены в соответствии с инструкциями и рекомендациями Russian Regulations, 1987 (Order No.755 on 12.08.1977 the USSR Ministry of Health and «The Guide for Care and Use of Laboratory Animals (National Academy Press Washington, D.C. 1996). При выполнении исследований были предприняты усилия, чтобы свести к минимуму страдания животных и уменьшения количества используемых образцов.

**Схема эксперимента.** Исследования проводили на базе Испытательного центра ЦКП ФГБНУ ФНЦ БСТ РАН (аттестат аккредитации № RA.RU.21ПФ59 от 02.12.2015 г.) (Заключение № 2032 «О состоянии измерений в лаборатории» от 19.03.2019 г.).

В эксперименте использовали герефордский крупный рогатый скот (n=357).

Образцы ДНК получали из цельной крови, которую в объёме 5 мл отбирали у животных с помощью одноразового прибора и антикоагулянта (1,5 мл ЭДТА). Протокол выделения ДНК проводили в соответствии с инструкцией коммерческого набора для выделения геномной ДНК из цельной крови «ДНК-Экстран-1». Качество и количество нуклеиновой кислоты измеряли с помощью спектрофотометра nanodrop ND-1000. Геномная ДНК каждого животного хранилась при температуре -20 °С.

Праймеры были разработаны на основе опубликованных последовательностей bGH (GenBank Accession NOS. M57764) с использованием программного обеспечения Primer3 ([www.genome.wi.mit.edu](http://www.genome.wi.mit.edu)). Последовательности праймеров и условия ПЦР приведены в таблице 1.

Таблица 1. Специфические олигонуклеотиды и программа проведения  
Table 1. Specific oligonucleotides and program

Ген/ Gene	Название SNP/ SNP name	Располо- жение/ Location	Источник/ Source	SNP	Последовательность праймеров/Sequence of primers
GH	GH-H1	47-558	GenBank accession Rs135322669	G/C	(F)GGGGGTATGAGAAGCTGAAGGA CCTG (R)CAGGAGCTGGAAGATGGCACGA CAC

ПЦР в реальном времени проводили на программируемом амплификаторе АНК-32 в объёме реакционной смеси 25 мкл, содержащей 60 мМ трис-НСl (рН 8,5), 1,5 мМ MgCl<sub>2</sub>, 25 мМ KCl, 10 мМ меркаптоэтанол; 0,1 мМ тритон X-100; 0,2 мМ дНТФ, 1 ед. Таq ДНК полимеразы, по 0,5 мкМ каждого из праймеров. Амплификацию SNP гена *GH-H1* проводили по режиму, указанному в таблице 2.

Таблица 2. Схема проведения амплификации ДНК  
Table 2. DNA amplification scheme

Название SNP/ SNP name	Температура, °С/ Temperature, °C	Цикл/Cycle
GH-H1	+ 95 °C + 63 °C + 95 °C	120 с x 1 40 с x 40 20 с x 40

Частоту встречаемости генотипов определяли по формуле (1):

$$p = n/N \quad (1),$$

где  $p$  – частота определения генотипа,  
 $n$  – количество особей, имеющих определённый генотип,  
 $N$  – число особей.

Частоту отдельных аллелей определяли по формуле (2):

$$\begin{aligned} p_A &= (2n_{AA} + n_{AB}) : 2N \\ q_B &= (2n_{BB} + n_{AB}) : 2N \end{aligned} \quad (2),$$

где  $p_A$  – частота аллеля А,  
 $q_B$  – частота аллеля В,  
 $N$  – общее число аллелей.

По закону Харди-Вайнберга рассчитывали ожидаемые результаты частот генотипов в исследуемой популяции. Полученные результаты в ходе научных исследований обработаны биометрическим методом с использованием стандартных программ.

*Анализ жирнокислотного состава.* Подготовка проб для определения ЖК состава мясных продуктов проводилась по ГОСТ Р 55483-2013 «Мясо и мясные продукты. Определение жирнокислотного состава методом газовой хроматографии». Жирнокислотный состав (ЖКС) продукта был определён на газовом хроматографе HP 7890A с капиллярной колонкой HP-5MS диаметром 0,25 мм, длиной 30 м, с толщиной слоя неподвижной фазы 0,25 мкм с масс-селективным детектором (МСД) 5975С VLMSD.

Навеску образца 1 г обрабатывали в течение 8 часов смесью 12 мл хлороформа с 10 мл метанола в присутствии 1 %-ного раствора KCl для растворения химических компонентов, экстракт фильтровали через бумагу. 1 мл экстракта, содержащего около 0,1 г сухого остатка, смешивали с 5 мл 15 %-ного раствора ацетилхлорида в метаноле, выдерживали в течение 2 ч при +100 °С в герметично запаиваемой стеклянной ампуле в атмосфере аргона и нейтрализовали добавлением насыщенного раствора KOH в метаноле до pH раствора 5,0-6,0. К смеси добавляли 3 мл насыщенного водного раствора NaCl и 6 мл гексана, оставляли на 30 мин и отбирали для анализа 0,5 мл из прозрачного гексанового слоя.

**Оборудование и технические средства.** Использовано оборудование Испытательного центра ЦКП ФГБНУ ФНЦ БСТ РАН (Заключение № 2032 «О состоянии измерений в лаборатории» от 19.03.2019 г.), коммерческий набор для выделения геномной ДНК из цельной крови «ДНК-Экстран-1» («Синтол», Россия), качество и количество нуклеиновой кислоты измеряли с помощью спектрофотометра nanodrop ND-1000 (Thermo Fisher Scientific, Waltham, USA). Анализатор нуклеиновых кислот АНК-32 («Синтол», Россия), газовый хроматограф HP 7890A и масс-селективный детектор (МСД) 5975С VLMSD (Agilent Technologies, USA).

**Статистическая обработка.** Статистическая обработка проводилась с использованием приложения «Statistica 10.0» (США). Анализ включал определение средней арифметической величины (M), стандартной ошибки средней (m). Достоверными считали различия при  $P \leq 0,05$ . Оценку статистической значимости различий между группами проводили с помощью t-критерия Стьюдента.

### **Результаты исследования.**

*Оценка частоты встречаемости гена bGH в популяции крупного рогатого скота герефордской породы.* На начальном этапе был проведен скрининг популяции крупного рогатого скота герефордской породы на наличие полиморфизма гена bGH. Ген гормона роста представлен двумя аллелями: bGH<sup>G</sup> (желательный) и bGH<sup>C</sup>. В ходе исследования было выявлено, что частота встречаемости bGH<sup>G</sup> составляет 0,29, а bGH<sup>C</sup> – 0,71 соответственно. Таким образом, можно отметить, что популяция на 1/3 состоит из носителей желательного аллеля.

Исследования в популяции крупного рогатого скота герефордской породы показали наличие полиморфизма гена bGH. Анализ распределения генотипов показал, что желательный генотип bGH<sup>GG</sup>, определяющий наличие желательного признака, имеют 12,2 % особей, гетерозиготное состояние характерно для (bGH<sup>GC</sup>) 33,3 %, а bGH<sup>CC</sup> – для 54,5 %. Генное равновесие в популяции нарушено не было.

*Ассоциация полиморфизма гена гормона роста с показателями липидного обмена крупного рогатого скота герефордской породы.* По результатам жирнокислотного анализа образцов длиннейшей мышцы спины, полученных в результате контрольного убоя бычков герефордской породы, была проанализирована сбалансированность мяса по данному показателю. В качестве контрольной группы использованы образцы мяса животных с генотипом bGH<sup>CC</sup>. Содержание жирных кислот в мясе представлено в таблице 3.

Так, можно отметить, что содержание насыщенных жирных кислот в образцах различается в зависимости от генотипа. В контрольной группе преобладает содержание пальмитиновой кислоты на 4,2 % в сравнении с группой образцов мяса с гетерозиготным проявлением признака и на 7,6 % – в образцах мяса животных с желательным генотипом. В образцах мяса животных с генотипом bGH<sup>GG</sup>, который является желательным, преобладает содержание стеариновой кислоты на 12,9 % в сравнении с образцами мяса животных с генотипами bGH<sup>GC</sup> и на 8,4 % – с генотипом bGH<sup>CC</sup>. Однако содержание других насыщенных жирных кислот в данных образцах желательного генотипа меньше, чем гомо- и гетерозиготном состояниях. По общей сумме ненасыщенных жирных кислот образцы мяса животных желательного генотипа незначительно отличаются от контрольных (0,2 %) и на 4,1 % превышают группу с гетерозиготным проявлением признака.

Таблица 3. Жирнокислотный состав длиннейшей мышцы спины бычков герефордской породы разных генотипов по гену гормона роста  
 Table 3. The fatty acid composition of rib eye of bulls of the Hereford breed with different genotypes according to the growth hormone gene

Жирная кислота/Fatty acid	Генотип/Genotype		
	bGH <sup>GG</sup>	bGH <sup>GC</sup>	bGH <sup>CC</sup>
<b>Насыщенные жирные кислоты (НЖК)/Saturated fatty acid (SFA)</b>			
Миристиновая (C <sub>14:0</sub> )/Myristine (C <sub>14:0</sub> )	2,95±0,21	3,13±0,16	3,00±0,15
Пальмитиновая (C <sub>16:0</sub> )/Palmytic (C <sub>16:0</sub> )	28,90±1,41	29,97±0,78	31,30±0,89
Стеариновая (C <sub>18:0</sub> )/Stearin (C <sub>18:0</sub> )	28,10±1,27	24,47±1,68	25,75±0,91
Сумма НЖК/SFA amount	59,95±2,90	57,57±1,86	60,05±0,68
<b>Мононенасыщенные жирные кислоты (МНЖК)/Monounsaturated fatty acid (MUFA)</b>			
Пальмитолеиновая (C <sub>16:1</sub> )/Palmitoleic (C <sub>16:1</sub> )	1,10±0,14	1,17±0,11	1,18±0,13
Олеиновая (C <sub>18:1</sub> )/Oleic (C <sub>18:1</sub> )	28,10±1,27	24,47±1,68	25,75±0,91
Сумма МНЖК/The amount of MUFA	29,20±1,13	25,63±1,74	26,93±0,85
<b>Полиненасыщенные жирные кислоты (ПНЖК)/Polyunsaturated fatty acids (PUFAs)</b>			
Линолевая (C <sub>18:2</sub> )/Linoleic (C <sub>18:2</sub> )	4,95±0,21	4,53±0,71	4,83±0,40
Линоленовая (C <sub>18:3</sub> )/Linolenic (C <sub>18:3</sub> )	0,60±0,28	0,67±0,15	0,70±0,12
Арахидоновая (C <sub>20:0</sub> )/Arachidonic (C <sub>20:0</sub> )	0,25±0,03*	0,27±0,04*	0,10±0,001
Сумма ПНЖК/The amount of PUFA	5,65±0,49	5,47±0,72	5,78±0,54

Примечание: \* – P≤0,01 при сравнении с группой с генотипом bGH<sup>CC</sup>

Note: \* – P≤0,01 when compared with a group with the bGH<sup>CC</sup> genotype

При оценке мононенасыщенных жирных кислот (МНЖК) было отмечено, что образцы мяса животных с желательным генотипом отличаются по содержанию олеиновой кислоты. Её на 9,1 % больше, чем в образцах мяса животных с генотипом bGH<sup>CC</sup> и на 14,8 % – в образцах мяса животных с генотипом bGH<sup>GC</sup>. Несмотря на то, что количество пальмитолеиновой кислоты в образцах мяса животных с генотипом bGH<sup>GG</sup> меньше, чем в остальных группах, по общей сумме МНЖК эта группа превалирует в сравнении с остальными.

Аналогичная тенденция была выявлена при сравнении содержания ненасыщенных жирных кислот. Так, по содержанию арахидоновой жирной кислоты в образцах с генотипом bGH<sup>GG</sup> отмечено достоверное превосходство над аналогами bGH<sup>CC</sup> (60,0 %, P≤0,01) и bGH<sup>GC</sup> (62,9 %, P≤0,01). При этом различия между гомозиготными носителями мутации и гетерозиготами были минимальные (7,41 %) и статистически недостоверными.

Таким образом, можно сделать вывод, что существует взаимосвязь наличия полиморфизма в гене bGH и содержанием жирных кислот в мясе.

#### Обсуждение полученных результатов.

В настоящее время изучение полиморфизмов гена bGH, способствующего формированию хозяйственно-полезных признаков, получило особое внимание. Ранее проведённые исследования показали взаимосвязь этого гена с молочной продуктивностью. Так, наличие SNP в экзоне 5 гена bGH у коров влияет на увеличение удоя молока (Schlee P et al., 1994; Yao J et al., 1996). Ardiyanti A et al. (2012) выявили зависимость мутации в гене bGH при замене на валин с повышением уровня молока. Позднее определили, что изменение в гене bGH способствует изменению жирнокислотного состава молока (Ardiyanti A et al., 2012).

Ge W et al. (2003) проанализировали эффекты полиморфизма гена bGH на ростовые характеристики и концентрацию IGF-I среди животных породы ангус и не нашли взаимосвязи. Однако Kim NK et al. (2004) описали SNP гена bGH в промоторе в позиции 120 и установили взаимосвязь увеличения скорости роста и массы тела среди телят в возрасте 3 месяцев. Трансверсия C-G в тре-

тьем экзоне гена гормона роста bGH (2141-я нуклеотидная позиция), которая сопровождается исчезновением сайта рестрикции для эндонуклеазы AluI. Описанная SNP приводит к замене лейцина на валин в позиции 127 в белковом продукте гена bGH и известна как Leu-Val полиморфизм. У ряда пород этот полиморфизм коррелирует с показателями молочной продуктивности.

Также было показано, что гормон роста оказывает влияние на аккумуляцию жира в мышечной ткани. Мутация в пятом экзоне гена влияет на такие практически значимые признаки, как темп набора веса и отложение жира в мышечной ткани (мраморность). Для японского чёрного скота показано преимущество GG (Val/Val) генотипа в тесте на мраморность. Однако большой вес туши животного и пониженная мраморность мяса имели связь с генотипом CC (Leu/Leu) (Tatsuda K et al., 2008).

#### **Выводы.**

Таким образом, тестирование аллелей гена гормона роста представляет интерес для учёта генетического потенциала животных по нескольким параметрам мясной продуктивности: темпа роста, большого веса туши, выхода мяса, мраморности мяса.

#### **Исследования выполнены в соответствии с планом НИР на 2019-2021 гг. ФГБНУ ФНЦ БСТ РАН (№ 0761-2019-0009)**

#### Литература

1. ГОСТ Р 55483-2013. Мясо и мясные продукты. Определение жирно-кислотного состава методом газовой хроматографии. Введ. 2014-07-01. М.: Стандартинформ, 2014. 16 с. [GOST R 55483-2013. Meat and meat products. Determination of fatty acids composition by gas chromatography. Vved. 2014-07-01. Moscow: Standartinform; 2014. 16 p. (*In Russ*)].
2. Роль ДНК-маркеров признаков продуктивности сельскохозяйственных животных / Н.А. Зиновьева, О.В. Костюнина, Е.А. Гладырь, А.Д. Банникова, В.Р. Харзинова, П.В. Ларионова, К.М. Шавырина, Л.К. Эрнст // Зоотехния. 2010. № 1. С. 8-10. [Zinov'eva NA, Kostyunina OV, Gladyr' EA, Bannikova AD, Kharzinova VR, Larionova PV, Shavyrina KM., Ernst LK. Rol' DNK-markerov priznakov produktivnosti sel'skokhozyaistvennykh zhiivotnykh. Zootechniya. 2010;1:8-10. (*In Russ*)].
3. Сурундаева Л.Г., Маевская Л.А., Косян Д.Б. Использование ДНК-маркеров для выявления полиморфизма гена CAPN1 у скота мясных пород // Вестник мясного скотоводства. 2012. № 4(78). С. 41-45. [Surundaeva LG, Maevskaya LA, Kosyan DB. The use of DNA markers to detect polymorphism CAPN1 on beef breeds. Herald of Beef Cattle Breeding. 2012;4(78):41-45. (*In Russ*)].
4. Характеристика аллелофонда крупного рогатого скота некоторых мясных пород, разводимых на территории Южного Урала и Западной Сибири / Е.А. Гладырь, Н.А. Зиновьева, Д.Б. Косян, В.В. Волкова, Г.М. Гончаренко, В.А. Солошенко, А.П. Карпов, Л.К. Эрнст, Г. Брем // Достижения науки и техники АПК. 2013. № 3. С. 61-63. [Gladyr EA, Zinov'eva NA, Kosyan DB, Volkova VV, Goncharenko GM, Soloshenko VA, Karpov AP, Ernst LK, Brem G. Characteristic of cattle allelepools for several meat breeds bred in the Southern Urals and Western Siberia. Achievements of Science and Technology of AIC. 2013;3:61-63. (*In Russ*)].
5. Arango JG, Echeverri ZJ, López HA. Association of the bovine growth hormone gene with Holstein cattle reproductive parameters. Rev MVZ Córdoba. 2014;19(3):4249-4258.
6. Ardiyanti A, Abe T, Tameoka N, Kobayashi E, Shoji N, Ohtani Y, Suzuki K, Roh SG, Katoh K. Effects of growth hormone gene polymorphism on lipogenic gene expression levels in diaphragm tissues of Japanese black heifers. Asian-Australas J Anim Sci. 2012;25(8):1055-1062. doi: <https://doi.org/10.5713/ajas.2012.12029>
7. Dybus A, Grzesiak W, Kamieniecki H, Szatkowska I, Zbigniew S, Błaszczyk P, Czerniawska-Piątkowska E, Zych S, Muszyńska M. Association of genetic variants of bovine prolactin with milk production traits of Black-and-White and Jersey cattle. Archiv fur Tierzucht. 2005;48(2):149-156. doi: 10.5194/aab-48-149-2005

8. Etherton TD, Bauman DE. Biology of somatotropin in growth and lactation of domestic animals. *Physiological Reviews*. 1998;78(3):745-761. doi: <https://doi.org/10.1152/physrev.1998.78.3.745>
9. Ge W, Davis ME, Hines HC, Irvin KM, Simmen RCM. Association of single nucleotide polymorphisms in the growth hormone and growth hormone receptor genes with blood serum insulin-like growth factor I concentration and growth traits in Angus cattle. *J Anim Sci*. 2003;81(3):641-648. doi: <https://doi.org/10.2527/2003.813641x>
10. Grossi DA, Buzanskas ME, Grupioni NV, Schenkel FS, Paz CCP, Regitano LC, Alencar MM, Munari DP. Effect of IGF1, GH, and PIT1 markers on the genetic parameters of growth and reproduction traits in Canchim cattle. *Mol Biol Rep*. 2015;42(1):245-251. doi: <https://doi.org/10.1007/s11033-014-3767-4>
11. Hartatik T, Putra DE, Volkandari SD, Kanazawa T, Sumadi S. Genotype analysis of partial growth hormone gene (GH891|MspI) in Pesisir cattle and Simmental-Pesisir crossbred cattle. *J Indonesian Trop Anim Agric*. 2018;43(1):1-8. doi: <https://doi.org/10.14710/jitaa.43.1.1-8>
12. Kim NK, Seo YW, Kim GH, Joh JH, Kim OH, Chung ER, Lee CS. A previously unreported Dral polymorphism within the regulatory region of the bovine growth hormone gene and its association with growth traits in Korean Hanwoo cattle. *Anim Genet*. 2004;35(2):152-154. doi: <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2004.01100.x>
13. Schlee P, Graml R, Schallenberger E, Schams D, Rottmann O, Olbrich-Bludau A, Pirchner F. Growth hormone and insulin-like growth factor I concentrations in bulls of various growth hormone genotypes. *Theor Appl Genet*. 1994;88(3-4):497-500. doi: <https://doi.org/10.1007/BF00223667>
14. Tatsuda K, Oka A, Iwamoto E, Kuroda Y., Takeshita H., Kataoka H., Kouno S. Relationship of the bovine growth hormone gene to carcass traits in Japanese black cattle. *J Anim Breed Genet*. 2008;125(1):45-49. doi: <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2007.00688.x>
15. Yao J, Aggrey SE, Zadworny D, Hayes JF, Kühnlein U. Sequence variations in the bovine growth hormone gene characterized by single-strand conformation polymorphism (SSCP) analysis and their association with milk production traits in Holsteins. *Genetics*. 1996;144(4):1809-1816.

#### References

1. GOST R 55483-2013. Meat and meat products. Determination of fatty acids composition by gas chromatography. Enter. 2014-07-01. Moscow: Standartinform; 2014. 16 p.
2. Zinovieva NA, Kostyunina OV, Gladyr EA, Bannikova AD, Kharzinova VR, Larionova PV, Shavyrina KM, Ernst LK. The role of DNA markers of signs of productivity of farm animals. *Zootechniya*. 2010;1:8-10. (*In Russ*).
3. Surundaeva LG, Maevskaya LA, Kosyan DB. The use of DNA markers to detect polymorphism CAPN1 on beef breeds. *Herald of Beef Cattle Breeding*. 2012;4(78):41-45.
4. Gladyr EA, Zinov'eva NA, Kosyan DB, Volkova VV, Goncharenko GM, Soloshenko VA, Karpov AP, Ernst LK, Brem G. Characteristic of cattle allelepool for several meat breeds bred in the Southern Urals and Western Siberia. *Achievements of Science and Technology of AIC*. 2013;3:61-63.
5. Arango JG, Echeverri ZJ, López HA. Association of the bovine growth hormone gene with Holstein cattle reproductive parameters. *Rev MVZ Córdoba*. 2014;19(3):4249-4258.
6. Ardiyanti A, Abe T, Tameoka N, Kobayashi E, Shoji N, Ohtani Y, Suzuki K, Roh SG, Katoh K. Effects of growth hormone gene polymorphism on lipogenic gene expression levels in diaphragm tissues of Japanese black heifers. *Asian-Australas J Anim Sci*. 2012;25(8):1055-1062. doi: <https://doi.org/10.5713/ajas.2012.12029>
7. Dybus A, Grzesiak W, Kamieniecki H, Szatkowska I, Zbigniew S, Błaszczyk P, Czerniawska-Piątkowska E, Zych S, Muszyńska M. Association of genetic variants of bovine prolactin with milk production traits of Black-and-White and Jersey cattle. *Archiv für Tierzucht*. 2005;48(2):149-156. doi: [10.5194/aab-48-149-2005](https://doi.org/10.5194/aab-48-149-2005)
8. Etherton TD, Bauman DE. Biology of somatotropin in growth and lactation of domestic animals. *Physiological Reviews*. 1998;78(3):745-761. doi: <https://doi.org/10.1152/physrev.1998.78.3.745>

9. Ge W, Davis ME, Hines HC, Irvin KM, Simmen RCM. Association of single nucleotide polymorphisms in the growth hormone and growth hormone receptor genes with blood serum insulin-like growth factor I concentration and growth traits in Angus cattle. *J Anim Sci.* 2003;81(3):641-648. doi: <https://doi.org/10.2527/2003.813641x>

10. Grossi DA, Buzanskas ME, Grupioni NV, Schenkel FS, Paz CCP, Regitano LC, Alencar MM, Munari DP. Effect of IGF1, GH, and PIT1 markers on the genetic parameters of growth and reproduction traits in Canchim cattle. *Mol Biol Rep.* 2015;42(1):245-251. doi: <https://doi.org/10.1007/s11033-014-3767-4>

11. Hartatik T, Putra DE, Volkandari SD, Kanazawa T, Sumadi S. Genotype analysis of partial growth hormone gene (GH891|MspI) in Pesisir cattle and Simmental-Pesisir crossbred cattle. *J Indonesian Trop Anim Agric.* 2018;43(1):1-8. doi: <https://doi.org/10.14710/jitaa.43.1.1-8>

12 Kim NK, Seo YW, Kim GH, Joh JH, Kim OH, Chung ER, Lee CS. A previously unreported Dral polymorphism within the regulatory region of the bovine growth hormone gene and its association with growth traits in Korean Hanwoo cattle. *Anim Genet.* 2004;35(2):152-154. doi: <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2004.01100.x>

13. Schlee P, Graml R, Schallenberger E, Schams D, Rottmann O, Olbrich-Bludau A, Pirchner F. Growth hormone and insulin-like growth factor I concentrations in bulls of various growth hormone genotypes. *Theor Appl Genet.* 1994;88(3-4):497-500. doi: <https://doi.org/10.1007/BF00223667>

14. Tatsuda K, Oka A, Iwamoto E, Kuroda Y., Takeshita H., Kataoka H., Kouno S. Relationship of the bovine growth hormone gene to carcass traits in Japanese black cattle. *J Anim Breed Genet.* 2008;125(1):45-49. doi: <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2007.00688.x>

15. Yao J, Aggrey SE, Zadworny D, Hayes JF, Kühnlein U. Sequence variations in the bovine growth hormone gene characterized by single-strand conformation polymorphism (SSCP) analysis and their association with milk production traits in Holsteins. *Genetics.* 1996;144(4):1809-1816.

**Косян Дианна Багдасаровна**, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник лаборатории селекционно-генетических исследований в животноводстве, Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий Российской академии наук, 460000, г. Оренбург, ул. 9 Января, 29, тел.: 8(3532)30-81-77, e-mail: [kosyan.diana@mail.ru](mailto:kosyan.diana@mail.ru)

**Сурундаева Любовь Геннадьевна**, кандидат сельскохозяйственных наук, доцент, заведующий лабораторией генетической экспертизы и книг племенных животных, Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий Российской академии наук, 460000, г. Оренбург, ул. 9 Января, 29, тел.: 8(3532)30-81-72, e-mail: [lusour@mail.ru](mailto:lusour@mail.ru)

**Русакова Елена Анатольевна**, кандидат биологических наук, старший научный сотрудник лаборатории селекционно-генетических исследований в животноводстве, Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий Российской академии наук, 460000, г. Оренбург, ул. 9 Января, 29, e-mail: [elenka\\_rs@mail.ru](mailto:elenka_rs@mail.ru)

Поступила в редакцию 14 ноября 2019 г.; принята после решения редколлегии 16 декабря 2019 г.; опубликована 31 декабря 2019 г. / Received: 14 November 2019; Accepted: 16 December 2019; Published: 31 December 2019