

О.А. Кошкина  
Т.Е. Денискова ✉  
Н.А. Зиновьева

Федеральный исследовательский центр  
животноводства — ВИЖ им. академика  
Л.К. Эрнста, Подольск, Московская  
обл., Россия

✉ horarka@yandex.ru

Поступила в редакцию:  
03.07.2023

Одобрена после рецензирования:  
15.11.2023

Принята к публикации:  
01.12.2023

## Research article

DOI: 10.32634/0869-8155-2023-377-12-80-84

Olga A. Koshkina  
Tatiana E. Deniskova ✉  
Natalia A. Zinovieva

L.K. Ernst Federal Research Center for  
Animal Husbandry, Podolsk, Moscow  
Region, Russia

✉ horarka@yandex.ru

Received by the editorial office:  
03.07.2023

Accepted in revised:  
15.11.2023

Accepted for publication:  
01.12.2023

# Разработка и апробация тест-системы определения полиморфизма генов *DGKH* и *PPP1R1C*, ассоциированных с живой массой овец

## РЕЗЮМЕ

**Актуальность.** Отечественное овцеводство отстает от других отраслей животноводства по темпам использования современных ДНК-технологий. Поиск новых генов — потенциальных кандидатов, ассоциированных с экономически значимыми признаками, — актуален для более полного раскрытия генетического потенциала овец. Ранее проведенный поиск полногеномных ассоциаций показал, что гены *DGKH* и *PPP1R1C* оказывают определенное влияние на живую массу овец при рождении и в возрасте 90 дней. В связи с этим более детальное изучение полиморфизма в генах *DGKH* и *PPP1R1C* может углубить понимание о процессах роста и развития у домашних овец, поэтому были выбраны эти гены как целевые для проведения эксперимента.

**Методы.** Праймеры и зонды были подобраны для амплификации фрагмента с целевыми SNP в генах *DGKH* и *PPP1R1C* длиной 68 пар нуклеотидов на основе референсной последовательности ДНК на 10-й (NC\_056063.1) и 2-й хромосомах (NC\_056055.1) овец, представленных в NCBI. Для определения полиморфизма были разработаны тест-системы на основе ПЦР в реальном времени. Генотипы определяли по многопараметрическому графику. Тест-системы апробированы на 147 овцах южной мясной породы.

**Результаты.** Разработанные тест-системы по перспективным генам *DGKH* и *PPP1R1C* позволили четко определять генотипы овец в формате ПЦР-РТ. В гене *DGKH* были выявлены все три генотипа (Т/Т, С/Т и С/С). В гене *PPP1R1C* не был идентифицирован гомозиготный генотип (Т/Т) в исследуемой популяции. Тест-системы пригодны для проведения рутинного ДНК-анализа в молекулярно-генетических лабораториях.

**Ключевые слова:** ДНК-маркеры, SNP, гены-кандидаты, генотипирование, полиморфизм

**Для цитирования:** Кошкина О.А., Денискова Т.Е., Зиновьева Н.А. Разработка и апробация тест-системы определения полиморфизма генов *DGKH* и *PPP1R1C*, ассоциированных с живой массой овец. *Аграрная наука*. 2023; 377(12): 80–84. <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2023-377-12-80-84>

© Кошкина О.А., Денискова Т.Е., Зиновьева Н.А.

# Development and validation of a test system for determining the polymorphism in the *DGKH* and *PPP1R1C* genes associated with body weight of sheep

## ABSTRACT

**Relevance.** National sheep breeding is lagging behind other branches of animal husbandry considering using of modern DNA technologies. The search for new genes — potential candidates associated with economically significant traits — is relevant for a more complete disclosure of the genetic potential of sheep. An earlier genome-wide association study showed that the *DGKH* and *PPP1R1C* genes had a certain effect on body weight of sheep at birth and at the age of 90 days. In this regard, a more detailed study of polymorphism in the *DGKH* and *PPP1R1C* genes can deepen understanding of growth and development processes in domestic sheep, so we have chosen these genes as targets for the experiment.

**Methods.** Primers and probes were selected for amplification of a fragment with targeted SNPs in the *DGKH* and *PPP1R1C* genes with a length of 68 nucleotide pairs based on the reference DNA sequence on the 10th (NC\_056063.1) and the 2nd chromosome (NC\_056055.1) sheep represented in NCBI. To determine polymorphism, real-time PCR-based test systems were developed. Genotypes were determined using a multiparametric graph. The test systems were tested on 147 sheep of the southern meat breed.

**Results.** The developed test systems for promising *DGKH* and *PPP1R1C* genes allowed to clearly determine sheep genotypes based on using the PCR-RT. All three genotypes (T/T, C/T, and C/C) were identified in the *DGKH* gene. No homozygous genotype (T/T) was identified in the *PPP1R1C* gene in the studied population. The test systems are suitable for routine DNA analysis in molecular genetic laboratories.

**Key words:** DNA-markers, SNPs, candidate genes, genotyping, polymorphism, genotype

**For citation:** Koshkina O.A., Deniskova T.E., Zinovieva N.A. Development and validation of a test system for determining the polymorphism in the *DGKH* and *PPP1R1C* genes associated with body weight of sheep. *Agrarian science*. 2023; 377(12): 80–84 (In Russian). <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2023-377-12-80-84>

© Koshkina O.A., Deniskova T.E., Zinovieva N.A.

## Введение/Introduction

Отечественное овцеводство отстает от других отраслей животноводства по темпам использования современных ДНК-технологий для применения в селекции по различным признакам. Частично такая тенденция объясняется тем, что на протяжении длительного времени развитие овцеводства происходило в условиях традиционной технологии содержания и выращивания животных [1]. Интенсификация производства овцеводческой продукции должна происходить по ряду направлений, одно из которых заключается в более полной реализации генетического потенциала существующих пород и выведении новых продуктивных селекционных типов овец. Интеграция ДНК-технологий в селекционный процесс позволяет повысить эффективность селекции посредством отбора носителей аллелей, ассоциированных с хозяйственно ценными признаками [2].

В мировой практике в овцеводстве широко применяется ряд тест-систем, позволяющих анализировать полиморфные варианты в небольшом количестве известных или потенциальных генов-кандидатов, ассоциированных с тем или иным экономически значимым признаком [3–5].

Следует отметить, что ряд отечественных ученых изучали влияние ряда известных генов-кандидатов на ростовые и мясные качества овец российских пород. Так, например, было установлено, что доля носителей наиболее желательного аллеля в гене миостатина (с.\*1232A) [6] составила 90% в популяциях джалгинских и советских мериносов и 85% — маньчжурских мериносов [7]. Кроме того, были показаны достоверные корреляции аллеля с.\*1279A в гене *MyoD1* с более высокими убойными показателями баранчиков северокавказской породы по сравнению с носителями других генотипов [8].

Л.Н. Скорых и соавторы (2020) выявили положительное влияние гетерозиготного АВ/ГН и гомозиготного ВВ/ГН генотипов гена соматотропина (гормона роста) на интенсивность роста мясошерстных овец [9]. Тем не менее результаты проведенных исследований носят породоспецифический характер. В связи с этим актуально проводить поиск новых генов, которые могут быть предложены в качестве потенциальных кандидатов, ассоциированных с экономически значимыми признаками у овец, для последующей разработки тест-систем с перспективой внедрения в селекционный процесс.

В предыдущих исследованиях авторов был проведен полногеномный поиск ассоциаций в ресурсной популяции овец возвратных кроссов (романовская × катадин) × романовская. Взвешивание экспериментальных животных проводилось в возрасте 6 (при рождении), 42, 90, 180 и 270 дней. Полногеномные SNP-профили были получены с помощью ДНК-чипа высокой плотности Ovine Infinium® HD SNP BeadChip (Illumina, Inc., США).

В результате исследования были идентифицированы SNP, ассоциированные с живой массой и локализованные вблизи генов, оказывающих прямое или косвенное влияние на живую массу [10]. Так, SNP на 2-й хромосоме был ассоциирован с живой массой овец при рождении и локализован вблизи гена *PPP1R1C*. На 10-й хромосоме был идентифицирован SNP, влияющий на живую массу овец в возрасте 90 дней и располагающийся в непосредственной близости к гену *DGKH* [10].

Ген *PPP1R1C* (субъединица 1С регуляторного ингибитора протеинфосфатазы 1) был предложен в качестве потенциального кандидата, вовлеченного в формирование мышечной массы у крупного рогатого скота (КРС) шаролезской и лимузинской пород [11].

Ген *DGKH* (диацилглицеролкиназа  $\epsilon$ ) — это член семейства ферментов диацилглицеролкиназ, которые катализируют фосфорилирование диацилглицерина с образованием фосфатидной кислоты. *DGKH* был предложен в качестве белка — регулятора сигнального каскада Ras/Raf/MEK/ERK, контролирующего большее количество процессов регуляции роста в клетках, включая пролиферацию, трансформацию и дифференцировку [12]. Следовательно, ген *DGKH* может влиять на рост организма благодаря своим активирующим свойствам.

Р. Widmann и соавторы (2013) предложили ген *DGKH* в качестве функционального кандидата, ассоциированного с процессами роста КРС [13].

В племенном заводе «Ладожский» на базе генофондного стада южной мясной породы создается новый селекционный тип овец с использованием генетического материала от баранов породы катадин для улучшения скороспелости и мясных качеств.

Поскольку гены *DGKH* и *PPP1R1C* были выявлены в ресурсной популяции овец, созданной при участии баранов породы катадин, можно предполагать, что эти гены будут информативны в популяции создаваемого селекционного типа и, соответственно, могут быть использованы для ведения маркерной селекции. В связи с этим весьма актуальна разработка информативных ДНК тест-систем, которые позволят четко различать аллельные варианты в изучаемых генах.

Цели работы — разработка, экспериментальная апробация и оценка эффективности тест-системы определения полиморфизма генов *DGKH* и *PPP1R1C*.

## Материалы и методы исследования / Materials and methods

Исследование проводили в 2023 году на базе оборудования центра коллективного пользования «Биоресурсы и биоинженерия сельскохозяйственных животных» ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста.

В качестве биологического материала для молекулярно-генетического исследования использовали ушные выщипы овец южной мясной породы ( $n = 147$ ). На рисунке 1 представлены овцы южной мясной породы, которая

**Рис. 1.** Овцы южной мясной породы (ПЗ «Ладожский», Краснодарский край, Усть-Лабинский р-н), март 2023 г. Фото автора

**Fig. 1.** Sheep of the Southern Meat breed (PZ "Ladoga", Krasnodar Territory, Ust-Labinsky District), March 2023. Photo by the author



разводится в племенном заводе «Ладожский» (Краснодарский край, Усть-Лабинский р-н).

Образцы ткани овец были получены из биобанка «Банк генетического материала домашних и диких видов животных и птиц» (№ 498808, зарегистрирован Мин-обнауки РФ), созданной и поддерживаемой в ФГБНУ ФИЦ животноводства — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста.

ДНК из ткани выделяли с помощью набора «ДНК-Экстран-2» (ЗАО «Синтол», Россия) по протоколу производителя. Опытным путем были подобраны состав реакционной смеси и оптимальные условия проведения ПЦР. Для двух генов реакции проводили в конечном объеме 20 мкл: 2 мкл реакционного буфера (10x Taq Turbo буфер, ЗАО «Евроген», Россия), 12 мкл H<sub>2</sub>O, 2,5 мкл dNTPs, 2 мкл смеси праймеров, 0,8 мкл смеси зондов (0,3 мкл зонда FAM и 0,5 мкл зонда R6G), 0,2 мкл SmartTaq ДНК полимеразы (ЗАО «Диалат Лтд.», Россия), 1 мкл ДНК.

Амплификацию фрагмента гена *DGKH* проводили в следующем температурно-временном режиме: 120 с. при 50 °C (1 цикл); 10 мин. при 95 °C (1 цикл); 15 с. при 95 °C, 45 с. при 62 °C, 30 с. при 72 °C (40 циклов); заключительный этап — 10 мин. при 72 °C.

Амплификацию фрагмента гена *PPP1R1C* проводили в следующем температурно-временном режиме: 120 с. при 50 °C (1 цикл); 10 мин. при 95 °C (1 цикл); 15 с. при 95 °C, 45 с. при 59 °C, 30 с. при 72 °C (40 циклов); заключительный этап — 10 мин. при 72 °C.

ПЦР в реальном времени осуществляли с использованием прибора QuantStudio®5 (ThermoFisher Scientific, США). Результат оценивали по многопараметрическому графику.

## Результаты и обсуждение / Results and discussion

Для определения полиморфизма генов *DGKH* и *PPP1R1C* были разработаны тест-системы на основе ПЦР в реальном времени. Подбор праймеров и зондов для амплификации фрагмента с таргетными SNP в генах *DGKH* и *PPP1R1C* длиной 68 пар оснований проводили в соответствии с референсной последовательностью ДНК на 10-й (NC\_056063.1) и 2-й хромосомах (NC\_056055.1) овец, представленных в базе Национального центра биотехнологической информации NCBI.

В таблице 1 представлены последовательности праймеров и зондов, подобранных для тест-системы определения полиморфизма генов *DGKH* и *PPP1R1C*, ассоциированных с мясной продуктивностью овец.

Постановка ПЦР-градиента на приборе QuantStudio®5 (ThermoFisher Scientific, США) позволила определить температуру отжига праймеров и зондов. Для генов

Таблица 1. Последовательности праймеров и зондов, подобранных для тест-системы определения полиморфизма генов *DGKH* и *PPP1R1C*, ассоциированных с живой массой овец

Table 1. The sequences of primers and probes selected for the test system for determining the polymorphism of the *DGKH* and *PPP1R1C* genes associated with body weight in sheep

Название гена	Последовательности праймеров и зондов (5'–3')
<i>DGKH</i>	F5'-TCATTTTCCTTATTCATGTCCTT-3'
	R5'-TGAACACAGCTTCTTACCCATC-3'
	5'-FAM-AGTCTGCTACACTCTGCTTAAG-BHQ-1-3'
	5'-R6G-AGTCCGCTACACTCTGCTTAAG-BHQ-1-3'
<i>PPP1R1C</i>	5'-ATTCTGTGTCCTATCACCT-3'
	5'-GTGGTGTTCATCTGACTGCTTA-3'
	5'-FAM-TGACTGCTGTGAACCTCTGATGAT-BHQ-1-3'
	5'-R6G-TGATTGCTGTGAACCTCTGATGAT-BHQ-1-3'

Примечание: F — прямой праймер (комплементарен 3'-цели ДНК), R — обратный праймер (комплементарен 5'-цели ДНК).

Рис. 2. Многопараметрические графики различных аллельных вариантов гена *DGKH*

Fig. 2. Multivariable plots of various allelic variants of the *DGKH* gene

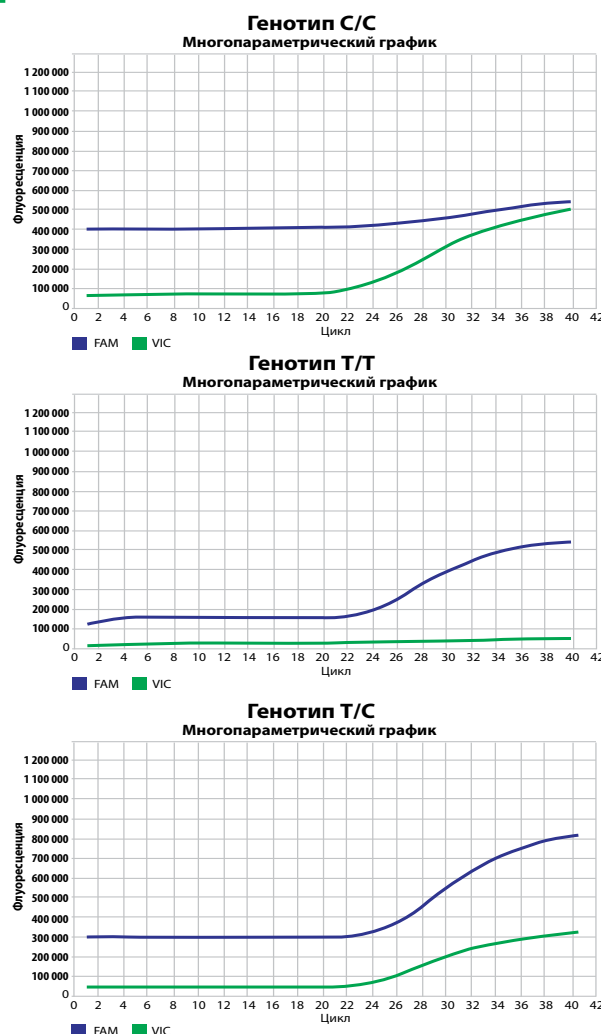
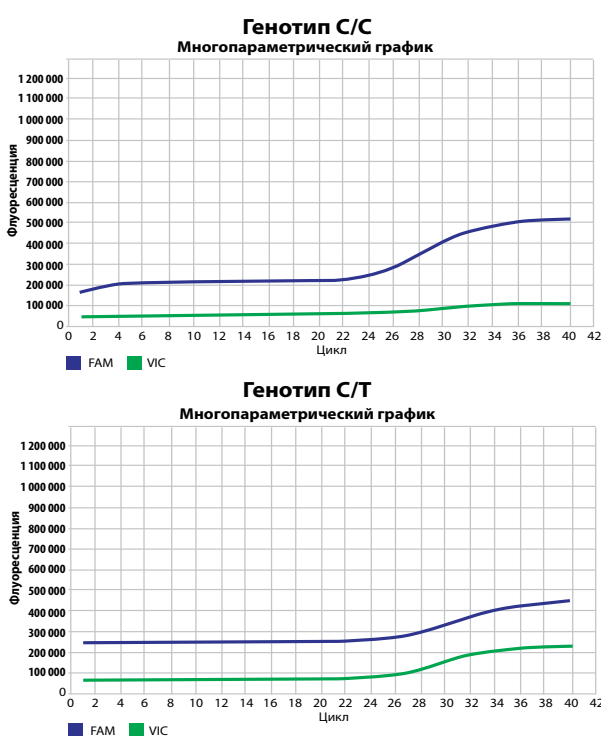


Рис. 3. Многопараметрические графики различных аллельных вариантов гена *PPP1R1C*

Fig. 3. Multivariable plots of various allelic variants of the *PPP1R1C* gene





*DGKH* и *PPP1R1C* оптимальные температуры отжига составили 62 °C и 59 °C соответственно.

В результате проведения ПЦР в реальном времени были выявлены различные аллельные варианты генов *DGKH* (рис. 2) и *PPP1R1C* (рис. 3).

Как показано на рисунке 2, аллелю Т в гене *DGKH* соответствует увеличение флуоресценции по каналу красителя FAM, а аллелю С в гене *DGKH* — увеличение флуоресценции по каналу красителя R6G.

Как показано на рисунке 3, аллелю С в гене *PPP1R1C* соответствует увеличение флуоресценции по каналу красителя FAM, а аллелю Т в гене *PPP1R1C* — увеличение флуоресценции по каналу красителя R6G.

В результате генотипирования овец по гену *DGKH* методом ПЦР с детекцией результатов в режиме реального времени были выявлены все три генотипа (Т/Т, С/Т и С/С). В то время в исследуемой выборке животных ген *PPP1R1C* был представлен лишь двумя генотипами — С/С и С/Т. Гомозиготы по аллелю Т (генотип Т/Т) обнаружены не были.

В таблице 2 представлены частоты встречаемости аллелей и генотипов по генам *DGKH* и *PPP1R1C* соответственно.

Генотипирование по гену *DGKH* выявило, что 24 животных из исследуемой выборки (16,32%) имели гомозиготный генотип Т/Т, гомозиготный генотип С/С был обнаружен у 42 овец (28,57%), 81 животное (55,11%) — гетерозиготы (Т/С). Оба аллеля встречались примерно с одинаковой частотой в исследуемой популяции (аллель Т — 43,88%, аллель С — 56,12%).

В то же время по гену *PPP1R1C* было обнаружено смещение частот аллелей. Наиболее распространенным оказался аллель С (80,61%), когда частота

Таблица 2. Частота встречаемости аллелей и генотипов по генам *DGKH* и *PPP1R1C*

Table 2. The frequency of alleles and genotypes for the *DGKH* and *PPP1R1C* genes

Ген	Частота аллелей, %		Частота генотипов					
			Т/Т		Т/С (С/Т)		С/С	
	Т	С	n	%	n	%	n	%
<i>DGKH</i>	43,88	56,12	24	16,32	81	55,11	42	28,57
<i>PPP1R1C</i>	19,39	80,61	–	–	57	38,78	90	61,22

встречаемости аллеля Т была 19,39%. Это связано с отсутствием в выборке гомозиготных животных по аллелю Т. В основном в популяции встречался гомозиготный генотип С/С с частотой 61,22% ( $n = 90$ ), остальные 38,78% животных ( $n = 57$ ) были представлены гетерозиготами (генотип С/Т).

Полученные результаты подтверждают разрешающую способность разработанных тест-систем и их пригодность для проведения рутинного ДНК-анализа.

### Выводы/Conclusion

Исследование показало, что разработанные тест-системы позволяют определять аллельные варианты генов *DGKH* и *PPP1R1C*, ассоциированных с живой массой у овец.

Таким образом, представленная тест-система позволит заблаговременно определять аллельные варианты генов *DGKH* и *PPP1R1C*, ассоциированных с живой массой, что впоследствии позволит ускорить селекцию овец на мясные качества.

Описанная тест-система имеет перспективы для применения в селекционной работе в овцеводстве, в частности для отбора наиболее перспективных овец нового создаваемого селекционного типа.

Все авторы несут ответственность за работу и представленные данные.

Все авторы внесли равный вклад в работу.

Авторы в равной степени принимали участие в написании рукописи и несут равную ответственность за плагиат. Авторы объявляют об отсутствии конфликта интересов.

All authors bear responsibility for the work and presented data.

All authors made an equal contribution to the work.

The authors were equally involved in writing the manuscript and bear the equal responsibility for plagiarism. The authors declare no conflict of interest.

### ФИНАНСИРОВАНИЕ

Работа выполнена при поддержке Министерства науки и высшего образования РФ (тема № FGGN-2022-0002).

### FUNDING

The work was supported by the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation (subject No. FGGN-2022-0002).

### БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

- Новопашина С.И. и др. Состояние и перспективные направления улучшения генетического потенциала мелкого рогатого скота. Научный аналитический обзор. М.: Росинформагротех. 2019; 80. ISBN 978-5-7367-1537-4 <https://elibrary.ru/yummio>
- Селионова М.И., Трухачев В.И., Айбазов А.-М.М., Столповский Ю.А., Зиновьева Н.А. Генетические маркеры в козоводстве (обзор). *Сельскохозяйственная биология*. 2021; 56(6): 1031–1048. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2021.6.1031rus>
- Machado A.L. et al. Variants in *GH*, *IGF1*, and *LEP* genes associated with body traits in Santa Inês sheep. *Scientia Agricola*. 2021; 78(3): e20190216. <https://doi.org/10.1590/1678-992x-2019-0216>
- Ding N. et al. Genetic Polymorphisms of *IGF1* and *IGF1R* Genes and Their Effects on Growth Traits in Hulun Buir Sheep. *Genes*. 2022; 13(4): 666. <https://doi.org/10.3390/genes13040666>
- Girmay S., Ahmad H.I., Zahra Q.A. A Simulation Analysis and Screening of Deleterious Nonsynonymous Single Nucleotide Polymorphisms (nsSNPs) in Sheep *LEP* Gene. *BioMed Research International*. 2022; 7736485. <https://doi.org/10.1155/2022/7736485>
- Han J., Forrest R.H., Hickford J.G.H. Genetic variations in the myostatin gene (*MSTN*) in New Zealand sheep breeds. *Molecular Biology Reports*. 2013; 40(11): 6379–6384. <https://doi.org/10.1007/s11033-013-2752-7>
- Яцык О.А., Телегина Е.Ю. Полиморфизм гена миостатина (*mstn*) у овец породы маньчжурский меринос. *Аграрный вестник Верхневолжья*. 2017; (3): 47–53. <https://elibrary.ru/ziogub>
- Криворучко А.Ю., Селионова М.И., Сафарян Е.Ю., Яцык О.А. Влияние однонуклеотидных полиморфизмов в гене *MyoD1* на показатели мясной продуктивности овец северокавказской породы. *Аграрный научный журнал*. 2020; (2): 49–54. <https://elibrary.ru/lfigdf>
- Скорых Л.Н., Фомина И.О., Коваленко Д.В. Полиморфизм гена соматотропина и его взаимосвязь с показателями роста у мясошерстных овец. *Зоотехника*. 2020; (10): 6–8. <https://elibrary.ru/lqgelj>

### REFERENCES

- Novopashina S.I. et al. Status and perspective areas for improving the genetic potential of small cattle. Scientific and analytic overview. Moscow: Rosinformagrotech. 2019; 80 (In Russian). ISBN 978-5-7367-1537-4 <https://elibrary.ru/yummio>
- Selionova M.I., Trukhachev V.I., Aybazov A.-M.M., Stolpovsky Yu.A., Zinovieva N.A. Genetic markers of goats (review). *Agricultural Biology*. 2021; 56(6): 1031–1048. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2021.6.1031eng>
- Machado A.L. et al. Variants in *GH*, *IGF1*, and *LEP* genes associated with body traits in Santa Inês sheep. *Scientia Agricola*. 2021; 78(3): e20190216. <https://doi.org/10.1590/1678-992x-2019-0216>
- Ding N. et al. Genetic Polymorphisms of *IGF1* and *IGF1R* Genes and Their Effects on Growth Traits in Hulun Buir Sheep. *Genes*. 2022; 13(4): 666. <https://doi.org/10.3390/genes13040666>
- Girmay S., Ahmad H.I., Zahra Q.A. A Simulation Analysis and Screening of Deleterious Nonsynonymous Single Nucleotide Polymorphisms (nsSNPs) in Sheep *LEP* Gene. *BioMed Research International*. 2022; 7736485. <https://doi.org/10.1155/2022/7736485>
- Han J., Forrest R.H., Hickford J.G.H. Genetic variations in the myostatin gene (*MSTN*) in New Zealand sheep breeds. *Molecular Biology Reports*. 2013; 40(11): 6379–6384. <https://doi.org/10.1007/s11033-013-2752-7>
- Yatsyk O.A., Telegina E.Yu. The myostatin gene (*MSTN*) polymorphism in manych merino sheep breed. *Agrarian Journal of Upper Volga Region*. 2017; (3): 47–53 (In Russian). <https://elibrary.ru/ziogub>
- Krivoruchko A.Yu., Selionova M.I., Safaryan E.Yu., Yatsyk O.A. Influence of single nucleotide polymorphisms in *MyoD1* gene on meat productivity indices in sheep of North Caucasian breed. *Agrarian scientific journal*. 2020; (2): 49–54 (In Russian). <https://elibrary.ru/lfigdf>
- Skorykh L.N., Fominova I.O., Kovalenko D.V. Polymorphism of the somatotropin gene and its relationship with growth indicators in meat-coated sheep. *Zootekhnika*. 2020; (10): 6–8 (In Russian). <https://elibrary.ru/lqgelj>

10. Денискова Т.Е. и др. Поиск геномных вариантов, ассоциированных с живой массой у овец, на основе анализа высокоплотных SNP-генотипов. *Сельскохозяйственная биология*. 2021; 56(2): 279–291. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2021.2.279rus>

11. Doyle J.L. *et al.* Genomic regions associated with muscularity in beef cattle differ in five contrasting cattle breeds. *Genetics Selection Evolution*. 2020; 52: 2. <https://doi.org/10.1186/s12711-020-0523-1>

12. Yasuda S. *et al.* Diacylglycerol Kinase  $\eta$  Augments C-Raf Activity and B-Raf/C-Raf Heterodimerization. *Journal of Biological Chemistry*. 2009; 284(43): 29559–29570. <https://doi.org/10.1074/jbc.M109.043604>

13. Widmann P. *et al.* A systems biology approach using metabolomic data reveals genes and pathways interacting to modulate divergent growth in cattle. *BMC Genomics*. 2013; 14: 798. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-14-798>

10. Deniskova T.E. *et al.* A search for genomic variants associated with body weight in sheep based on high density SNP-genotypes analysis. *Agricultural Biology*. 2021; 56(2): 279–291. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2021.2.279eng>

11. Doyle J.L. *et al.* Genomic regions associated with muscularity in beef cattle differ in five contrasting cattle breeds. *Genetics Selection Evolution*. 2020; 52: 2. <https://doi.org/10.1186/s12711-020-0523-1>

12. Yasuda S. *et al.* Diacylglycerol Kinase  $\eta$  Augments C-Raf Activity and B-Raf/C-Raf Heterodimerization. *Journal of Biological Chemistry*. 2009; 284(43): 29559–29570. <https://doi.org/10.1074/jbc.M109.043604>

13. Widmann P. *et al.* A systems biology approach using metabolomic data reveals genes and pathways interacting to modulate divergent growth in cattle. *BMC Genomics*. 2013; 14: 798. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-14-798>

## ОБ АВТОРАХ

### Ольга Андреевна Кошкина

аспирант

olechka1808@list.ru

<https://orcid.org/0000-0003-4830-6626>

### Татьяна Евгеньевна Денискова

кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник

horarka@yandex.ru

<https://orcid.org/0000-0002-5809-1262>

### Наталья Анатольевна Зиновьева

доктор биологических наук, профессор, академик Российской академии наук

n\_zinovieva@mail.ru

<https://orcid.org/0000-0003-4017-6863>

Федеральный исследовательский центр животноводства — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста, пос. Дубровицы, 60, Подольск, Московская обл., 142132, Россия

## ABOUT THE AUTHORS

### Olga Andreevna Koshkina

Postgraduate

olechka1808@list.ru

<https://orcid.org/0000-0003-4830-6626>

### Tatiana Evgenievna Deniskova

Candidate of Biological Sciences, Leading Researcher

horarka@yandex.ru

<https://orcid.org/0000-0002-5809-1262>

### Natalia Anatolievna Zinovieva

Doctor of Biological Sciences, Professor, Academician of the Russian Academy of Sciences

n\_zinovieva@mail.ru

<https://orcid.org/0000-0003-4017-6863>

Federal Research Center of Animal Husbandry — VIZ academician L.K. Ernst, 60 Dubrovitsy, Podolsk District, Moscow Region, 142132, Russia