СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫЕ НАУКИ. ВЕТЕРИНАРИЯ И ЗООТЕХНИЯ

DOI: 10.32786/2071-9485-2020-04-26

ASSOCIATION OF SNPB IN THE GENE FOR MYOSTATIN WITH AN INDICATOR OF LIVE WEIGHT IN CHICKENS OF EXPERIMENTAL POPULATION «EXPERIMENTAL CS»

G. K. Peglivanyan, T. A. Larkina, A. V. Makarova, O. V. Mitrofanova

All-Russian Scientific Research Institute of Genetics and Breeding of Agricultural Animals – branch of the Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member L.K. Ernst, St. Petersburg, Russia

Received 03.09.2020

Submitted 25.11.2020

This work was carried out with financial support from the Ministry of Education and Science of the Russian Federation within the framework of the state assignment AAAA-A18-118021590138-1 using chicken populations of the bioresource collection "Genetic collection of rare and endangered chicken breeds" (All-Russian Scientific Research Institute of Genetics and Breeding of Agricultural Animals, St. Petersburg, Pushkin)

Summary

The article presents the results of the analysis of polymorphism for rs316247861 in the myostatin gene in chickens from the population of experienced CS (n = 45). The frequencies of alleles and genotypes for the studied substitution were determined. The analysis of the association of the growth rate of chickens with the rs316247861 genotype in the myostatin gene was carried out. The greatest growth retardation was observed in CC homozygotes. At the same time, no significant differences were found between animals with different genotypes.

Abstract

Introduction. The urgency of the problem under study is due to the need to improve the productivity of hens of local breeds and experimental populations bred within the framework of biological resource collections. Today, gene pool birds have to compete with highly productive industrial crosses. To improve the efficiency of selection of young chickens in the early stages of development, it is necessary to look for genetic markers of productivity. This will significantly reduce the cost of growing, as well as increase the competitiveness of domestic gene pool breeds and chicken populations on the market.

Object. The object of the study was the DNA of chickens from the experimental CS population (n = 45), bred within the framework of the Genetic Collection of Rare and Endangered Breeds of Chickens (All-Russian Scientific Research Institute of Genetics and Breeding of Agricultural Animals, St. Petersburg). **Materials and methods.** DNA was isolated from chicken blood using the phenolic method. Analysis of the polymorphism for the rs316247861 substitution in the myostatin gene was performed using PCR-RFLP using the restriction endonuclease BstHHL. The live weight of chickens (g) was determined during control weighing at the age of 7, 33, 50, 67 and 89 days individually for each individual. The analysis of the data obtained was carried out in Excel using the Pearson χ^2 test, the significance of differences was calculated using the Student's t-test. **Results and conclusion.** In the present sample of chickens from the experimental CS population, a high frequency of GC heterozygotes for the rs316247861 substitution in the myostatin gene was observed (0.49). At the same time, there is no deviation from the Hardy-Weinberg equilibrium ($\chi^2 = 0.07$ with the number of degrees of freedom $r = 2$). The frequency of the C allele in the studied group was 0.58, the G allele - 0.42. Until the age of 67 days, individuals with the GG genotype (n = 8) outnumbered their counterparts with the CC (n = 15) and CG genotypes (n = 22). The greatest growth retardation was observed in CC homozygotes. At the age of 89 days, close average values of live weight were observed for CC homozygotes (1437.9 ± 52.95 g) and GG homozygotes (1437.7 ± 49.79 g). Our calculations do not allow us to consider the conclusion about the superiority of GG homozygotes for the rs316247861 replacement in the myo-

statin gene in terms of live weight up to the age of 67 days as reliable. To obtain significant associations, it is necessary to continue the study of chickens in the experimental CS population and to increase the sample size participating in the study.

Key words: chickens, DNA, PCR-RFLP, single nucleotide polymorphism, myostatin.

Citation. Peglivanyan G.K., Larkina T.A., Makarova A.V., Mitrofanova O.V. Association of SNPB in the gene for myostatin with an indicator of live weight in chickens experimental population «experimental CS» *Proc. of the Lower Volga Agro-University Comp.* 2020. 3(57). 262-269 (in Russian). DOI: 10.32786/2071-9485-2020-04-26

Author's contribution. The author of this study collected material, analyzed the data and wrote the paper.

Conflict of interest. The author declare no conflict of interest.

УДК 636.034

АССОЦИАЦИЯ SNP В ГЕНЕ МИОСТАТИНА С ПОКАЗАТЕЛЯМИ ЖИВОЙ МАССЫ У КУР ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНОЙ ПОПУЛЯЦИИ «ОПЫТНАЯ ЦС»

Г. К. Пегливаян, аспирант

Т. А. Ларкина, кандидат биологических наук, младший научный сотрудник

А. В. Макарова, научный сотрудник

О. В. Митрофанова, кандидат биологических наук, ученый секретарь

*Всероссийский НИИ генетики и разведения сельскохозяйственных животных, филиал ФГБНУ
Федеральный научный центр животноводства — ВИЖ им. академика Л. К. Эрнста,
г. Санкт-Петербург - Пушкин*

Дата поступления в редакцию 03.09.2020

Дата принятия к печати 25.11.2020

Работа выполнена при финансовой поддержке Министерства образования и науки РФ в рамках государственного задания АААА-А18-118021590138-1 с использованием популяций кур БРК «Генетическая коллекция редких и исчезающих пород кур» (ВНИИГРЖ, Санкт-Петербург, Пушкин)

Актуальность исследуемой проблемы обусловлена необходимостью улучшения продуктивных показателей кур локальных пород и экспериментальных популяций, разводимых в рамках биоресурсных коллекций. Сегодня генофондная птица вынуждена конкурировать с высокопродуктивными промышленными кроссами. Чтобы повысить эффективность отбора молодняку кур на ранних этапах развития, необходимо искать генетические маркеры продуктивности. Это позволит значительно сократить расходы на выращивание, а также повысит конкурентоспособность отечественных генофондных пород и популяций кур на рынке. **Объектом исследования** послужила ДНК кур популяции Опытная ЦС (n=45), разводимой в рамках БРК «Генетическая коллекция редких и исчезающих пород кур» (ВНИИГРЖ, г. Санкт-Петербург). **Материалы и методы.** ДНК выделяли из крови кур с помощью фенольного метода. Анализ полиморфизма по замене rs316247861 в гене миостатина проводили с помощью ПЦР-ПДРФ с использованием эндонуклеазы рестрикции *BstHNI*. Живую массу кур (г) определяли в ходе контрольных взвешиваний в возрасте 7, 33, 50, 67 и 89 суток индивидуально для каждой особи. Анализ полученных данных осуществляли в программе Excel с применением критерия χ^2 Пирсона, достоверность различий рассчитывали с использованием t-критерия Стьюдента. **Результаты и выводы.** В представленной выборке кур популяции Опытная ЦС наблюдалась высокая частота гетерозигот GS по замене rs316247861 в гене миостатина (0,49). При этом отклонения от равновесия Харди-Вайнберга нет ($\chi^2=0,07$ при числе степеней свободы $\nu=2$). Частота аллеля С в изученной группе была равна 0,58, аллеля G - 0,42. До возраста 67 дней особи с генотипом GG (n = 8) превосходили своих сверстников с генотипами CC (n = 15) и CG (n = 22). Наибольшее отставание в росте отмечено у гомозигот CC. В возрасте 89 дней наблюдались близкие средние

значения живой массы для гомозигот СС ($1437,9 \pm 52,95$ г) и гомозигот GG ($1437,7 \pm 49,79$ г). Проведенные нами расчеты не позволяют считать вывод о превосходстве гомозигот GG по замене rs316247861 в гене миостатина по показателям живой массы до возраста 67 дней достоверными. Для получения значимых ассоциаций необходимо продолжить изучение кур популяции Опытная ЦС и увеличить размер выборки, участвующей в исследовании.

Ключевые слова: живая масса кур, ПЦР-ПДРФ, однонуклеотидный полиморфизм, миостатин, генофонд кур, селекция птицы.

Цитирование. Пегливанян Г. К., Ларкина Т. А., Макарова А. В., Митрофанова О. В. Ассоциация SNP в гене миостатина с показателями живой массы у кур экспериментальной популяции «Опытная ЦС» *Известия НВ АУК*. 2020. 4 (60). 262-269. DOI: 10.32786/2071-9485-2020-04-26

Авторский вклад. Каждый автор участвовал в сборе материала для исследования, анализе данных и подготовке рукописи.

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Введение. В последнее время растет интерес к локальным и генофондным популяциям в животноводстве, в том числе и в птицеводстве. Представители малочисленных пород и породных групп являются источником неисчерпаемых генетических ресурсов. Отсутствие жесткого отбора позволяет сохранять в таких популяциях высокое генетическое разнообразие, уникальные гены и генные комплексы [1].

Создание новых экспериментальных популяций сельскохозяйственной птицы является важным элементом работы, проводимой в рамках БРК «Генетическая коллекция редких и исчезающих пород кур» (ВНИИГРЖ, г. Санкт-Петербург). Популяция «Опытная ЦС», созданная в хозяйстве, имеет редко встречающуюся рыже-полосатую окраску оперения [3]. Она выведена путем скрещивания четырехлинейных гибридных петухов (корниш х белый плимутрок) с курами пород нью-гемпшир и полтавская глинистая. В настоящее время это мясо-яичная популяция. Живая масса курочек достигает 2,3-2,4 кг, петушков – 3,2-3,5 кг. Птица имеет темно-полосатый хвост, листовидный и розовидный гребень, красные ушные мочки, желтый цвет кожи и ног.

Изучение полиморфизма генов, связанных со скоростью роста и формированием скелетных мышц, актуально для многих видов сельскохозяйственных животных, а в особенности для птицы, обладающей высокой скоростью прироста живой массы. Одним из генов, ассоциированных с ростом скелетных мышц, является ген миостатина (*MSTN*) [4, 8-10]. У свиньи, буйвола, коровы, рыбок данио, птиц и домашней мыши ген миостатина состоит из 3 экзонов, отделенных друг от друга 2 интронами, и кодирует белок-предшественник из 376 аминокислот [4, 9, 10].

Анализ геномов кур с помощью ДНК-маркеров – важная составляющая современной генетики. Высокий интерес к однонуклеотидным заменам, так называемым SNP (single nucleotide polymorphism) [6]. Поиску значимых ассоциаций отдельных SNP с продуктивными признаками у животных и птиц посвящено большое количество исследований [8-10]. ДНК-диагностика имеет ряд преимуществ перед традиционной селекцией по фенотипу: она позволяет оценивать индивидуумов на любом этапе жизненного цикла вне зависимости от пола и без учета изменчивости, обусловленной внешней средой [3, 7, 11, 12]. Выявленная связь между аллелями и фенотипическими признаками вносит вклад в фундаментальную науку, а также позволяет эффективно планировать селекционную работу, направленную на повышение генетического потенциала.

Целью нашего исследования было выявить ассоциации однонуклеотидной замены rs316247861 в гене миостатина с показателями живой массы у кур экспериментальной популяции «Опытная ЦС».

Объект исследования. Объектом нашего исследования была ДНК, выделенная

из крови кур (n=45) популяции «Опытная ЦС» БРК «Генетическая коллекция редких и исчезающих пород кур» (ВНИИГРЖ, Санкт-Петербург - Пушкин).

Материалы и методы. Для выделения ДНК использовали цельную кровь, которую получали от кур возрасте 33 дня посредством забора из вен крыла с помощью индивидуальных шприцев. Затем пробы помещали в микропробирку, содержащую в качестве антикоагулянта 30 мкл 0,5 М ЭДТА. Образцы хранили в холодильнике при -20°C . ДНК выделяли по стандартной методике с использованием очистки фенолом [5].

Для генотипирования использовали ПЦР-ПДРФ метод. Реакцию проводили на амплификаторе «Bio-Rad» (США) с применением праймеров F:5'-TAGTCAGCCCCACAGAGAACG-3' и RV:5'-CGAAAGCAGCAGGGTTGTTA-3'. Режим ПЦР состоял из предварительной денатурации в течение 3 мин при 94°C . Затем шла серия из 35 повторяющихся циклов: 30 сек – 94°C , 30 сек – 60°C , 30 сек – 72°C . В завершении реакции финальный синтез длился 5 мин при 72°C .

Для анализа полиморфизма длин фрагментов в каждую пробирку с ампликоном добавляли 0,2 мкл рестриктазы *Bst*III (SibEnzyme, Новосибирск). После перемешивания проводили инкубацию (2 часа при 50°C).

Для визуализации результатов исследования использовали 2 % агарозные гели, содержащие флуоресцентный краситель бромистый этидий и ТВЕ-буфер (45 mM трис-борат, 1 mM ЭДТА). Смесь после рестрикции вносили в лунки геля. Электрофорез проводили в течение 20 минут при рабочем напряжении 180 V. В качестве маркера, позволяющего оценить длину фрагментов ДНК на геле, использовали pUC/MspI (Fermentas, Литва). Сигнал флуоресценции фотографировали в системе гель-документации фирмы Kodak. Полученный ампликон имел размер 320 пар оснований (п. о.) гетерозиготы CG отличались наличием трех фрагментов 320, 203 и 117 п. о., гомозиготы CC имели фрагменты 203 и 117 п.о., а у особей с генотипом GG был один фрагмент размером 320 п.о., который соответствует молекулярной массе амплифицированного участка (рисунок 1).

Рисунок 1 – Детекция полиморфизма rs316247861 с помощью ПЦР-ПДРФ анализа

Figure 1 – Detection of rs316247861 polymorphism using PCR-RFLP analysis

Живую массу кур (г) определяли с помощью весов марки «Госметр» (Россия). Контрольные взвешивания проводили в возрасте 7, 33, 50, 67 и 89 суток.

Анализ данных осуществляли в программе Excel. Для оценки уровня селекционного давления рассчитывали отклонения наблюдаемой гетерозиготности от ожидаемой с применением критерия χ^2 Пирсона. Достоверность различий живой массы у особей с разными генотипами по замене rs316247861 в гене миостатина проводили с использованием t-критерия Стьюдента.

Результаты и обсуждение. На рисунке 2 представлена диаграмма, которая показывает частоты генотипов по замене rs316247861 в гене миостатина в исследуемой группе кур (n=45). В представленной выборке наблюдается высокая частота гетерози-

гот GC (0,49). При этом отклонения от равновесия Харди-Вайнберга нет, так как значение критерия Пирсона $\chi^2=0,07$ (при числе степеней свободы $r=2$). Частота аллеля С в изученной группе была равна 0,58, аллеля G - 0,42.

Рисунок 2 – Частоты генотипов по замене rs316247861 в гене миостатина у кур популяции «Опытная ЦС»

Figure 2 – Genotype frequencies for the rs316247861 substitution in the myostatin gene in the chicken population «Опытная ЦС»

Анализ интенсивности роста кур изучаемой выборки, представленный в таблице 1, показал, что до возраста 67 дней особи с генотипом GG ($n = 8$) превосходили своих сверстников с генотипами CC ($n = 15$) и CG ($n = 22$). Наибольшее отставание в росте отмечено у гомозигот CC. При этом достоверных различий между животными с разными генотипами обнаружено не было. В возрасте 89 дней наблюдались близкие средние значения живой массы для гомозигот CC ($1437,9 \pm 52,95$ г) и гомозигот GG ($1437,7 \pm 49,79$ г).

Таблица 1 – Живая масса кур (г) популяции Опытная ЦС ($n=45$) в зависимости от генотипа по замене rs316247861 в гене миостатина

Table 1 – Live weight of chickens (g) of the population Experienced CS ($n = 45$) depending on the genotype by replacing rs316247861 in the myostatin gene

№	Возраст кур / Age of chickens	Живая масса, г / Live weight, g		
		Генотип / Genotype		
		CC ($n = 15$)	CG ($n = 22$)	GG ($n = 8$)
1	7 дней / 7 days	76,2 $\pm$ 2,46	75,9 $\pm$ 1,32	78,1 $\pm$ 5,56
2	33 дня / 33 days	396,9 $\pm$ 15,50	398,4 $\pm$ 9,32	406,5 $\pm$ 18,08
3	50 дней / 50 days	747,6 $\pm$ 26,03	765,2 $\pm$ 18,0	800,5 $\pm$ 26,78
4	67 дней / 67 days	1164,5 $\pm$ 90,41	1261,4 $\pm$ 29,19	1272 $\pm$ 42,93
5	89 дней / 89 days	1437,9 $\pm$ 52,95	1417,7 $\pm$ 33,23	1437,7 $\pm$ 49,79

Выводы. Исследованная нами выборка ($n=45$) популяции кур «Опытная ЦС» находится в состоянии генетического равновесия ($\chi^2=0,07$). Частота аллеля С в изученной группе составила 0,58, аллеля G – 0,42. До возраста 67 дней наблюдалось превосходство по живой массе особей с генотипом GG ($n = 8$) над сверстниками генотипами CC ($n = 15$) и CG ($n = 22$). Наибольшее отставание в росте отмечено у гомозигот CC. При этом достоверных различий между животными с разными генотипами обнаружено не было. В возрасте 89 дней наблюдались близкие средние значения живой массы для гомозигот CC ($1437,9 \pm 52,95$ г) и гомозигот GG ($1437,7 \pm 49,79$ г). Для получения значимых ассоциаций необходимо продолжить изучение кур популяции «Опытная ЦС» по интенсивности роста и увеличить размер выборки, участвующей в исследовании.

Библиографический список

1. Разведение малочисленных и редких пород кур / И. А. Паронян [и др.] // Генетика и разведение животных. 2016. № 4. С. 62-66.
2. Связь генотипов по однонуклеотидным заменам в гене миостатина с показателями живой массы у кур Юрловской породы / О. В. Митрофанова [и др.] // Генетика и разведение животных. 2015. № 1. С. 39-42.
3. Юрченко О. П., Вахрамеев А. Б., Макарова А. В. Аддитивные взаимодействия генов в формировании окрасок оперения у кур // Генетика и разведение животных. 2015. № 4. С. 41-45.
4. Applications of myostatin (MSTN) gene in the livestock animals and humans / W. A. Ahad [et al.] // Int. J. Curr. Microbiol. App. Sci. 2017. V.6. № 9. P.1807-1811.
5. Association of polymorphic variants in MSTN, PRL, and DRD2 genes with intensity of young animal growth in Pushkin breed chickens / O. V. Mitrofanova [et al.] // Cytology and Genetics. 2017. V. 51. № 3. P. 179-184.
6. Efficient SNP Discovery by Combining Microarray and Lab-on-a-Chip Data for Animal Breeding and Selection / C.-W. Huang [et al.] // Microarrays (Basel). 2015. V. 4. № 4. P. 570-595.
7. Evaluation of growth performance and muscle marker genes expression in four different broiler strains in Jordan / K. Jawasreha [et al.] // Italian Journal of Animal Science. 2019. V. 18. № 1. P.766-776.
8. Mapping QTL for white striping in relation to breast muscle yield and meat quality traits in broiler chickens / E. Pampouille [et al.] // BMC Genomics. 2018. V. 19. N. 202. <https://doi.org/10.1186/s12864-018-4598-9>.
9. Myostatin (MSTN) gene indel variation and its associations with body traits in Shaanbei White Cashmere goat / Y. Bi [et al.] // Animals (Basel). 2020. V. 10. № 1.
10. Novel report on mutation in exon 3 of myostatin (MSTN) gene in Nilagiri sheep: an endangered breed of South India / A. R. Sahu [et al.] // Trop Anim Health Prod. 2019. № 51. P. 1817-1822. <https://doi.org/10.1007/s11250-019-01873-7>.
11. Polymorphism of the myostatin (MSTN) gene in Landes and Kielecka Geese Breeds / G. Smółucha [et al.] // Animals (Basel). 2020. V. 10. № 1.
12. The single nucleotide polymorphisms of myostatin gene and their associations with growth and carcass traits in Daheng Broiler / X. X. Zhang [et al.] // Brazilian Journal of Poultry Science. 2019. V. 21. N. 3. P. 001-008.

Conclusions. The studied sample (n = 45) of the "Opytnaja CS" chicken population is in a state of genetic equilibrium ($\chi^2 = 0.07$). The frequency of the C allele in the studied group was 0.58, the G allele - 0.42. Until the age of 67 days, there was a superiority in live weight of individuals with the GG genotype (n = 8) over their peers with the CC (n = 15) and CG genotypes (n = 22). The greatest growth retardation was observed in CC homozygotes. At the same time, no significant differences were found between animals with different genotypes. At the age of 89 days, close average values of live weight were observed for CC homozygotes (1437.9 ± 52.95 g) and GG homozygotes (1437.7 ± 49.79 g). To obtain significant associations, it is necessary to continue the study of chickens from the population in terms of growth intensity and to increase the sample size participating in the "Opytnaja CS" study.

Reference

1. Breeding of indigenous and rare breeds of chickens / I. A. Paronyan [et al.] // Genetics and animal breeding. 2016. No. 4. P. 62-66.
2. Relationship of snp genotypes in myostatin gene with carcass weight trait in Yurlov chicken breed / O. V. Mitrofanova [et al.] // Genetics and animal breeding. 2015. № 1. P. 39-42.
3. Jurchenko O. P., Vakhrameev A. B., Makarova A. V. The genetic potential of productivity and breeding value of animals // Genetics and animal breeding. 2015. No. 4. P. 41-45.
4. Applications of myostatin (MSTN) gene in the livestock animals and humans / W. A. Ahad [et al.] // Int. J. Curr. Microbiol. App. Sci. 2017. V.6. № 9. P.1807-1811.
5. Association of polymorphic variants in MSTN, PRL, and DRD2 genes with intensity of

young animal growth in Pushkin breed chickens / O. V. Mitrofanova [et al.] // Cytology and Genetics. 2017. V. 51. № 3. P. 179-184.

6. Efficient SNP Discovery by Combining Microarray and Lab-on-a-Chip Data for Animal Breeding and Selection / C.-W. Huang [et al.] // Microarrays (Basel). 2015. V. 4. № 4. P. 570-595.

7. Evaluation of growth performance and muscle marker genes expression in four different broiler strains in Jordan / K. Jawasreha [et al.] // Italian Journal of Animal Science. 2019. V. 18. № 1. P. 766-776.

8. Mapping QTL for white striping in relation to breast muscle yield and meat quality traits in broiler chickens / E. Pampouille [et al.] // BMC Genomics. 2018. V. 19. N. 202. <https://doi.org/10.1186/s12864-018-4598-9>.

9. Myostatin (MSTN) gene indel variation and its associations with body traits in Shaanbei White Cashmere goat / Y. Bi [et al.] // Animals (Basel). 2020. V. 10. № 1.

10. Novel report on mutation in exon 3 of myostatin (MSTN) gene in Nilagiri sheep: an endangered breed of South India / A. R. Sahu [et al.] // Trop Anim Health Prod. 2019. № 51. P. 1817-1822. <https://doi.org/10.1007/s11250-019-01873-7>.

11. Polymorphism of the myostatin (MSTN) gene in Landes and Kielecka Geese Breeds / G. Smołucha [et al.] // Animals (Basel). 2020. V. 10. № 1.

12. The single nucleotide polymorphisms of myostatin gene and their associations with growth and carcass traits in Daheng Broiler / X. X. Zhang [et al.] // Brazilian Journal of Poultry Science. 2019. V. 21. N. 3. P. 001-008.

Authors Information

Peglyvanjan Grigory Karapetovich researcher of the laboratory of molecular genetics of Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding — Branch of the L.K. Ernst Federal Science Center for Animal Husbandry (Russia, 196601, Sankt-Petersburg, Puchkin, Moskovskoeschosse, 55A), tel. 8(812) 451-76-63, e-mail: peglyvanian_grig@mail.ru.

LarkinaTatianaAleksandrovna - researcher of the laboratory of molecular genetics of Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding — Branch of the L.K. Ernst Federal Science Center for Animal Husbandry (Russia, 196601, Sankt-Petersburg, Puchkin, Moskovskoeschosse, 55A), candidate of biological sciences, tel. 8 (812) 451-76-63, e-mail: tanya.larkina2015@yandex.ru.

Makarova Aleksandra Vladimirovna -researcher of the department of genetics, breeding and conservation of genetic resources of agricultural birds of Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding — Branch of the L.K. Ernst Federal Science Center for Animal Husbandry (Russia, 196601, Sankt-Petersburg, Puchkin, Moskovskoeschosse, 55A), tel. 8 (812) 451-76-63, e-mail: admiralmak@mail.ru.

Mitrofanova Olga Viktorovna - scientific secretary of Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding — Branch of the L.K. Ernst Federal Science Center for Animal Husbandry (Russia, 196601, Sankt-Petersburg, Puchkin, Moskovskoeschosse, 55A), candidate of biological sciences, 8 (812) 451-60-05 e-mail: mo1969@mail.ru.

Информация об авторах

Пегливанян Григорий Карпетович – младший научный сотрудник лаборатории молекулярной генетики ВНИИГРЖ (РФ, 196601, г. Санкт-Петербург-Пушкин, Московское шоссе, 55А), аспирант, тел. 8 (812) 451-76-63, e-mail: peglyvanian_grig@mail.ru.

Ларкина Татьяна Александровна – младший научный сотрудник лаборатории молекулярной генетики ВНИИГРЖ (РФ, 196601, г. Санкт-Петербург-Пушкин, Московское шоссе, 55А), кандидат биологических наук, тел. 8 (812) 451-76-63, e-mail: tanya.larkina2015@yandex.ru.

Макарова Александра Владимировна – научный сотрудник отдела генетики, разведения и сохранения генетических ресурсов сельскохозяйственных птиц ВНИИГРЖ (РФ, 196601, г. Санкт-Петербург-Пушкин, Московское шоссе, 55А), тел. 8 (812) 451-76-63, e-mail: admiralmak@mail.ru.

Митрофанова Ольга Викторовна – учёный секретарь ВНИИГРЖ (РФ, 196601, г. Санкт-Петербург-Пушкин, Московское шоссе, 55А), тел. 8 (812) 451-60-05, кандидат биологических наук, e-mail: mo1969@mail.ru