

УДК: 636.034:636.082

DOI: 10.52419/issn2072-2419.2026.1.406

ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА ПО ГЕНУ ГРЕЛИН (*GHRL*)

Сафина Н.Ю.* – канд. биол. наук, ст. науч. сотр. (ORCID 0000-0003-1184-3188); Крупин Е.О. – д-р ветеринар. наук, вед. науч. сотр. (ORCID 0000-0002-8086-1788); Гайнутдинова Э.Р. – асп., науч. сотр. (ORCID 0000-0002-2970-1500).

Татарский научно-исследовательский институт сельского хозяйства
ФИЦ КазНЦ РАН

*natysafina@gmail.com

Ключевые слова: крупный рогатый скот, грелин, *GHRL*, ген, аллель, биоразнообразие, *SNP* (однонуклеотидный полиморфизм).

Key words: cattle, ghrelin, *GHRL*, gene, allele, biodiversity, *SNP* (single nucleotide polymorphism).

Финансирование: * Работа выполнена по государственному заданию: «Совершенствование комплексных отечественных технологий селекции, растениеводства и животноводства на основе идентификации высокоценных генотипов, молекулярно-генетических методов, биотехнологий, конструирования адаптивных и высокопродуктивных агробиоценозов и агроэкосистем для производства экологической и функциональной продукции. Номер регистрации: 125031003428-9».

Поступила: 11.12.2025

Принята к публикации: 05.03.2026

Опубликована онлайн: 01.04.2026



РЕФЕРАТ

Целью настоящего исследования являлась оценка популяционно-генетической структуры и параметров генетического биоразнообразия по полиморфному локусу *g.4491A>G* (*A375G*) гена *GHRL* крупного рогатого скота татарстанского типа холмогорской породы. Грелин, кодируемый геном *GHRL*, играет ключевую роль в регуляции аппетита, энергетического обмена, роста и молочной продуктивности, что делает его перспективным маркером для селекции. Материалом для ДНК-тестирования послужили образцы крови 91 коровы. Генотипирование проводили методом ПЦР-ПДРФ с использованием эндонуклеазы рестрикции *BstKI* I. В результате были идентифицированы три генотипа: AA (9,9%), GA (52,7%) и GG (37,4%). Аллель A имел частоту 0,363, а аллель G – 0,637. Популяционно-генетический анализ показал, что изучаемое поголовье находится в состоянии генетического равновесия Харди-Вайнберга, наблюдается преобладание гетерозиготных генотипов, а мера информационного полиморфизма характеризует locus как умеренно полиморфный и информативный для селекционных программ. Проведенный сравнительный анализ с литературными данными выявил значительную межпородную и географическую вариабельность частот гена *GHRL*. Полученные результаты подчеркивают важность учета генетической специфики локальных пород и подтверждают потенциал использования полиморфизма гена *GHRL* в качестве молекулярно-генетического маркера для повышения эффективности селекции крупного рогатого скота. Исследование выполнено в рамках государственного задания, регистрационный номер 125031003428-9.

ВВЕДЕНИЕ / INTRODUCTION

Гены, регулирующие метаболизм, энергетический обмен и аппетит, играют ключевую роль в физиологии и продуктивности сельскохозяйственных животных. К примеру, ген *LEP* (лептин) контролирует энергетический баланс и отложение жира, влияя на аппетит и регуляцию массы тела [1]. Ген *MC4R* (меланокортиновый рецептор 4) является важным регулятором пищевого поведения и энергетического расхода, а мутации в нем связаны с изменениями в потреблении корма и продуктивности [2]. Изучение этих и других связанных генов позволяет повышать эффективность селекции и улучшать продуктивные характеристики скота с учетом генетической основы обмена веществ и кормового поведения.

В классическом исследовании структуры гена *GHRL* (Colinet et al., 2009) было показано, что он кодирует препрогелин, состоящий из 116 аминокислот, который включает в себя пептид грелин и другой пептид, похожий на обестатин. Грелин выполняет ключевые функции в организме млекопитающих. Во-первых, он стимулирует секрецию гормона роста (ГН). *GHRL* связывается с рецептором гормона роста (*GHS-R*), «запуская» его секрецию, что приводит к высвобождению ГН из гипофиза, тем самым иницируя процессы роста. Во-вторых, грелин возбуждает аппетит (орексигенная функция), действуя как сигнал голода в центральной нервной системе и стимулируя потребление корма через взаимодействие с нейропептидом Y (*NPY*) (Sherman et al., 2008). В-третьих, он регулирует энергетический баланс, способствуя увеличению потребления энергии и снижению ее расхода, а также влияя на окисление жиров и предрасположенность к ожирению (Braz et al., 2015). Грелин активирует синтез молока, увеличивая кровоток в молочной железе. Он также косвенно влияет на молочную продуктивность, повышая секрецию гормона роста (ГН), который играет важную роль в период лактации [3].

Грелин, преимущественно синтезируемый обкладочными железами сычуга,

также экспрессируется в других тканях, включая кишечник, поджелудочную железу, почки, плаценту и головной мозг. Динамика его секреции демонстрирует четкую взаимосвязь с кормлением: уровень гормона в плазме крови снижается в течение часа после потребления пищи, возвращаясь к исходным значениям позднее. У взрослых животных экспрессия выше в преджелудках, у телят – в тонком кишечнике [4]. В репродуктивной системе грелин и его рецептор экспрессируются в ооцитах и клетках кумулюса, влияя на их развитие и жизнеспособность [5]. Примечательно, что у высокопродуктивных молочных коров в период пика лактации регистрируются повышенные концентрации как самого грелина, так и гормона роста, что указывает на его роль в адаптации метаболизма к высокой продуктивности (Colinet et al., 2009). У коров уровень грелина в плазме снижается после кормления и возвращается к исходному уровню в течение 4 часов. Экзогенное введение грелина приводит к увеличению потребления сухого вещества и, как следствие, к росту надоев [6], его инъекции повышают концентрацию ГН в плазме и увеличивают продолжительность приема пищи. В период пика лактации у коров с высоким генетическим потенциалом отмечаются более высокие концентрации грелина и гормона роста в крови (Sun et al., 2011).

Ген *GHRL* у крупного рогатого скота расположен на хромосоме 22 (*ВТА22*), состоит из 5 экзонов и 4 интронов. Исследование Colin et al. (2009) сыграло ключевую роль в изучении гена *GHRL*, представив его полную молекулярную характеристику (Colinet et al., 2009). В этой работе было проведено секвенирование и установлена структура гена, а также выявлено восемь однонуклеотидных полиморфизмов (SNP). Среди идентифицированных вариантов был полиморфизм g.4491A>G, соответствующий мутации A375G, описанной в других системах нумерации. Это однонуклеотидный полиморфизм (SNP), который не приводит к изменению аминокислотной последова-

тельности белка, но может влиять на регуляцию гена. Данное исследование предоставило базовый набор полиморфных маркеров, заложив основу для последующего анализа их ассоциаций с продуктивными признаками скота.

На основании мониторинга литературных источников на рисунке 1 представлено распределение аллелей А и G гена *GHRL* среди различных пород скота разного ареала.

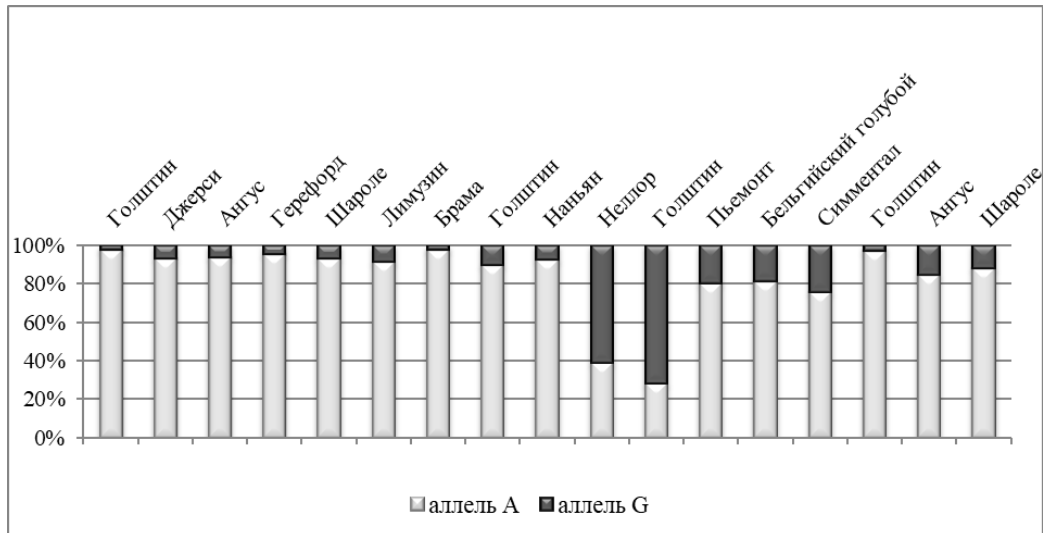


Рисунок 1 – Частота встречаемости аллелей гена *GHRL* в мировых популяциях крупного рогатого скота.

Доли встречаемости аллелей гена *GHRL* демонстрируют значительную вариабельность среди пород крупного рогатого скота различного направления продуктивности и географической принадлежности. В большинстве исследованных генетических групп наблюдается явное доминирование аллеля А с частотой выше 0,850. К таким породам относятся голштинская (с вариацией от 0,900 до 0,972), джерсейская (0,980), а также мясные породы: Ангус (0,850-0,929), Герефорд (0,940), Шароле (0,880-0,955), Лимузин (0,917) и Брама (0,976). Высокие частоты аллеля А также зафиксированы у китайской породы Наньян (0,927), Бельгийской голубой (0,814) и в поголовье Пьемонтского скота (0,800).

Гомозиготный генотип в этих популяциях не был установлен, а процент гетерозиготных особей варьировал от 3,0 до 20,0 %, преимущественно находясь на уровне 11,5–16,7 %.

Вместе с тем, в некоторых популяциях отмечается существенно повышенная частота аллеля G. Наиболее ярким примером является бразильская порода Неллор, где преобладает аллель G (частота 0,610). Более значимая доля аллеля G также характерна для одной из популяций голштинского скота в Ираке (0,720), что контрастирует с описанными ранее данными других генетических групп этой же породы. Умеренная встречаемость аллеля G наблюдается у симментальской породы (0,244). Численность гомозиготных GG-особей в исследуемых стадах достигала 60,0%.

Представленные данные основаны на анализе зарубежных исследований (Colinet et al., 2009; Sherman et al., 2008; Sun et al., 2011; Lisa et al., 2013; Braz et al., 2015), а также согласуются с результатами более поздних работ, включенных в настоящее исследование [6-9].

Анализ ассоциаций, проведенный

канадскими учеными, показал, что полиморфизм в гене *GHRL* оказывает пограничное (тенденция) или умеренное влияние на ряд важных признаков, в основном связанных с конверсией корма и качеством туши (Sherman et al., 2008). Исследование полиморфизма *GHRL* A375G у бычков пьемонтской породы проводилось для анализа его возможной связи со среднесуточным приростом, параметрами телосложения, мясности и толщиной костяка (Lisa et al., 2013). Полиморфизм гена *GHRL* изучался на предмет влияния на живую массу тела, среднесуточный прирост и линейные промеры телосложения (высота в холке, длина туловища, обхват груди, ширина в маклоках) у бычков породы Наньян в возрастные периоды 6, 12, 18 и 24 месяца (Sun et al., 2011).

Исследования полиморфизма A375G гена *GHRL* выявляют его комплексное влияние на молочную продуктивность. У джерсейского скота наблюдается тенденция, согласно которой гетерозиготные животные могут демонстрировать более высокие удои, а также повышенное количество белка и жира в молоке. В частности, в третью лактацию у них отмечается статистически значимое увеличение содержания белка, хотя при этом может происходить некоторый спад удоя и количества жира по сравнению с животными, имеющими другую генетическую вариацию [6]. У голштинских коров прослеживается иная зависимость: одна из аллелей ассоциирована с достоверным увеличением удоя и продолжительности лактации, но сопровождается снижением содержания жира, белка и лактозы в молоке. В то же время, альтернативный генетический вариант связан с обратной тенденцией – меньшими объемами надоев, но более высоким качеством молока по его составу [7, 8].

На основании имеющихся исследований полиморфизм гена *GHRL* обладает потенциалом перспективного маркера для селекции крупного рогатого скота, способствуя не только улучшению продуктивных качеств, но и признаков, связанных с эффективностью использования

корма, скоростью роста, качеством туши и пищевого поведения животных. Таким образом, изучение вариаций гена *GHRL* имеет важное значение для селекционной работы и повышения экономической эффективности животноводства.

Несмотря на обширные данные о влиянии полиморфизма гена *GHRL* на продуктивные признаки, его популяционно-генетические параметры в стадах Российской Федерации остаются не изученными.

Цель исследования – оценить популяционно-генетические параметры и структуру поголовья крупного рогатого скота по гену *GHRL*.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ / MATERIALS AND METHODS

В исследовании были использованы образцы проб крови 91 гол. коров татарстанского типа холмогорской породы СХПК «имени Вахитова» Кукморского района Республики Татарстан. Экстрагирование ДНК проводили с использованием набора «GM Blood Q» (Sesana, Россия) по инструкции производителя.

Для детекции исследуемого однонуклеотидного полиморфизма 4491A>G (A375G, транзиция A/G) в интроне 3 гена *GHRL* (доступ к последовательности в GenBank: AY455980) был применен метод ПЦР-ПДРФ. Анализ проводили на выделенной геномной ДНК с использованием специфичных праймеров (F: 5' GTG GGG ATGC TTA AGT TCC CTA 3', R: 5' AGG GTG GGA GAA CGG ACA GGT 3'), последовательности которых были взяты из работы I. Kowalewska-Łuczak [6]. Коммерческие праймеры («Евроген», Россия) и стандартный набор реагентов («СибЭнзим», Россия) входили в состав реакционной смеси.

Процедуру амплификации выполняли на амплификаторе «Thermal Cycler 100» (BIO RAD, США) в лабораторных условиях отдела физиологии, биохимии, генетики и питания животных ТатНИИСХ ФИЦ КазНЦ РАН. Протокол амплификации был нами модифицирован и состоял из следующих стадий:

начальная денатурация при 94 °С в течение 5 минут;

30 циклов амплификации, каждый из которых включал денатурацию (94 °С, 30 с), отжиг праймеров (53 °С, 60 с) и элонгацию (72 °С, 30 с);

финальная дотройка цепей при 72 °С в течение 5 минут.

Для проведения анализа ПЦР-ПДРФ в оригинальном исследовании I. Kowalewska-Luczak и соавт. (2011) применяли для рестрикции ПЦР-продукта (187 п.о.) эндонуклеазу *FspBI*. В результате гидролиза формировались фрагменты длиной 187, 167 и 19 п.о.

В нашей работе, в рамках политики импортозамещения, был использован ее изошизомер – *BstKI* I («СибЭнзим», Россия). Рестрикцию ампликонов проводили в течение 16 часов при температуре 37 °С.

Полученные фрагменты разделяли методом горизонтального электрофореза в 2,6% агарозном геле, который готовили на 1×TBE буфере с добавлением этидиума бромиды. Визуализацию и документирование результатов ПЦР-ПДРФ-анализа выполняли с помощью системы геледокументирования Gel Doc XR (BIO RAD, США).

Расчет частот аллелей выполняли по методу Е.К. Меркурьевой (1970), а рас-

пределение генотипов анализировали с использованием биометрических формул в соответствии с руководством Е.К. Меркурьевой и Г.Н. Шангина-Березовского (1983).

Соответствие популяционного равновесия закону Харди-Вайнберга проверяли с помощью критерия хи-квадрат (χ^2), применяемого для сравнения наблюдаемых и ожидаемых частот генотипов. Для оценки уровня гетерозиготности в исследуемом поголовье был рассчитан коэффициент инбридинга (*Fis*), позволяющий выявить избыток или недостаток гетерозиготных особей.

РЕЗУЛЬТАТЫ / RESULTS

В ходе молекулярно-генетического анализа было установлено характерные профили электрофоретического разделения для каждого генотипа по гену *GHRL*. Гомозиготный генотип АА идентифицировался по наличию нерасщепленного ПЦР-продукта (187 п.о.), гетерозиготный GA – по трем фрагментам (187, 167 и 19 п.о.), а гомозиготный GG – по сочетанию двух фрагментов (167 и 19 п.о.). В исследованной популяции крупного рогатого скота (татарстанский тип холмогорской породы) было зафиксировано следующее распределение: генотип АА встречался с частотой 9,9%, GA – 52,7%, а GG – 37,4% (табл. 1).

Таблица 1 – Частота встречаемости аллелей и генотипов гена *GHRL* и параметры генетического разнообразия популяций

	Генотипы						Аллели		χ^2	Fis	PIC
	n	%	n	%	n	%					
	AA		GA		GG		A	G			
Н	9	9,9	48	52,7	34	37,4	0,363	0,637	1,82	-0,141	0,409
О	12	13,2	42	46,2	37	40,6					

Примечание: Н – наблюдаемое распределение, О – ожидаемое распределение, $\chi^2_{крит}$ (0,05) = 5,99; *Fis* – индекс фиксации; *PIC* – мера информационного полиморфизма ($PIC < 0,25$ – слабый полиморфизм, $0,25 < PIC < 0,50$ – умеренный полиморфизм, $PIC > 0,50$ – сильный полиморфизм)

Из полученных данных следует, что популяция находится в равновесии Харди-Вайнберга, что подтверждается низким значением χ^2 (1,82), при критическом

(0,05) равном 5,99. Это означает, что наблюдаемое распределение генотипов не имеет достоверного отличия от ожидаемого. Наблюдается небольшой избыток

гетерозиготных особей, что выражается отрицательным значением коэффициента инбридинга (или индекса фиксации). Данный показатель является благоприятным и может указывать на процессы аутбридинга или отбор в пользу гетерозигот.

Мера информационного полиморфизма *PIC* находится на уровне 0,409. Это означает, что исследуемый генетический маркер (локус с аллелями А и G) обладает средней информативностью и может использоваться в популяционно-генетических исследованиях, анализах наследования и селекционных программах.

ВЫВОДЫ / CONCLUSION

На основании проведенного исследования можно заключить, что изученная популяция татарстанского типа холмогорской породы характеризуется устойчивым генетическим состоянием, находясь в равновесии Харди-Вайнберга по гену *GHRL*. Индекс фиксации свидетельствует о наличии аутбридинга и отсутствии инбредной депрессии, а уровень полиморфизма подтверждает информативность локуса для дальнейшего использования гена *GHRL* в качестве маркера в селекционных программах.

Несмотря на общее преобладание аллеля А в мировых популяциях, аллель G может достигать значительных частот в определенных породах и популяциях. Полученные данные подчеркивают важность учета географического происхождения и направления продуктивности при анализе генетического разнообразия хозяйственно важных признаков, ассоциированных с геном *GHRL*.

EVALUATION OF GENETIC DIVERSITY OF CATTLE BY THE GHRELIN GENE (*GHRL*)

Safina N.Yu. * – Candidate of Biological Sciences, Senior Researcher (ORCID 0000-0003-1184-3188); **Krupin E.O.** – Doctor of Veterinarian Sciences, Leading Researcher (ORCID 0000-0002-8086-1788); **Gainutdinova E.R.** – Postgraduate Student, Researcher (ORCID 0000-0002-2970-1500)

Tatar Scientific Research Institute of Agriculture “Kazan Scientific Center of Rus-

sia Academy of Sciences”, Kazan, Russian Federation

*natysafina@gmail.com

Financing: *The work was carried out according to a state assignment: «Improvement of complex domestic technologies of breeding, crop and livestock farming on the basis of identification of high-value genotypes, molecular-genetic methods, biotechnology, design of adaptive and highly productive agrobiocoenosis and agroecosystems for the production of ecological and functional products. Registration number: 125031003428-9».*

ABSTRACT

The aim of this study was to assess the population-genetic structure and parameters of genetic biodiversity at the polymorphic locus g.4491A>G (A375G) of the *GHRL* gene in cattle of the Tatarstan type of the Kholmogor breed. Ghrelin, encoded by the *GHRL* gene, plays a key role in regulating appetite, energy metabolism, growth, and dairy productivity, making it a promising marker for breeding. Blood samples from 91 cows served as the material for DNA testing. Genotyping was performed using PCR-RFLP with the *Bst*KT I restriction endonuclease. As a result, three genotypes were identified: AA (9.9%), GA (52.7%), and GG (37.4%). The frequency of allele A was 0.363, and that of allele G was 0.637. Population-genetic analysis showed that the studied population is in a state of Hardy-Weinberg equilibrium, with a predominance of heterozygous genotypes observed, and the polymorphism information content (PIC) characterizes the locus as moderately polymorphic and informative for breeding programs. A comparative analysis with literature data revealed significant interbreed and geographical variability in the frequencies of the *GHRL* gene. The obtained results emphasize the importance of considering the genetic specificity of local breeds and confirm the potential of using *GHRL* gene polymorphism as a molecular-genetic marker to enhance the efficiency of cattle breeding. The study was

carried out within the framework of the state assignment, registration number 125031003428-9.

СПИСОК ИСТОЧНИКОВ

1. Association of Leptin Gene (LEP) Polymorphism with Growth Rates and Milk Production in Holstein First-Calf Heifers / N.A. Balakirev, N.Yu. Safina, Yu.R. Yulmetieva [et al.] // Russian Agricultural Sciences. – 2018. – Т. 44, № 5. – P. 460-464. DOI 10.3103/S1068367418050038
2. Сафина Н.Ю. Популяционно-генетическая характеристика крупного рогатого скота по гену MC4R (рецептор меланокортина 4) / Н.Ю. Сафина, Е.О. Крупин // Международный вестник ветеринарии. – 2024. – № 4. – С. 518-527. – DOI 10.52419/issn2072-2419.2024.4.518.
3. Характеристика молочной продуктивности коров-первотелок с разными генотипами соматотропина (GH) / Н.Ю. Сафина, И.Ю. Гилемханов, Ф.Ф. Зиннатова [и др.] // Вестник Казанского государственного аграрного университета. – 2019. – Т. 14, № 3(54). – С. 58-61. – DOI 10.12737/article_5db9535ed384a3.87060395.
4. Expression of Genes Encoding Selected Orexigenic and Anorexigenic Peptides and Their Receptors in the Organs of the Gastrointestinal Tract of Calves and Adult Domestic Cattle (*Bos taurus taurus*) / K. Kras, K. Ropka-Molik, S. Muszyński [et al.] // International Journal of Molecular Sciences. – 2024. – Vol. 25, No 1. – P. 533. DOI 10.3390/ijms25010533
5. N-octanoylated ghrelin peptide inhibits bovine oocyte meiotic resumption / X. Xu, J. Bai, T. Feng [et al.] // General and comparative endocrinology. – 2018. – Vol. 263. – P. 7-11. DOI 10.1016/j.ygcen.2018.04.016
6. Kowalewska-Łuczak I. Ghrelin gene polymorphism in dairy cattle / I. Kowalewska-Łuczak, M. Szembek, H. Kulig // Journal of Central European Agriculture. – 2011. – Vol. 12, № 4. – P. 744–751. DOI 10.5513/JCEA0112.4.984
7. Shnawa M. Relationship of GHRL Gene Polymorphism with Milk Production and Components in Holstein Cows / M. Shnawa, H.M.H. Al-Khuzai, A.J.A. Al-Yaseri // IOP

Conference Series: Earth and Environmental Science. – 2023. – Vol. 1213. – Art. 012083. DOI: 10.1088/1755-1315/1213/1/012083.

8. Śpiewak M. Polymorphism in the GHRL gene and milk production traits in Jersey cattle / M. Śpiewak, I. Kowalewska // Folia Pomer. Univ. Technol. Stetin., Agric., Aliment., Pisc., Zootech. – 2023. – Vol. 368, № 67(3). – P. 35-40. DOI 10.21005/AAPZ2023.67.3.4
9. Türkiye’de yetiştirilen et ırkı kültür sığırlarında leptin, ghrelin ve insülin benzeri büyüme faktörü -1 (IGF-1) gen polimorfizmlerinin belirlenmesi / A. Daş, T. Şahin, Ö. Akbulut [et al.] // Harran Üniv. Vet. Fak. Derg. – 2019. – Т. 8, № 1. – S. 112-119. DOI 10.31196/huvfd.592643

REFERENCES

1. Balakirev N.A., Safina N.Yu., Yulmetieva Yu.R., Shakirov Sh.K., Zinnatova F.F. Association of Leptin Gene (LEP) Polymorphism with Growth Rates and Milk Production in Holstein First-Calf Heifers // Russian Agricultural Sciences. 2018. 44 (5):460-464. DOI 10.3103/S1068367418050038
2. Safina N.Yu., Krupin E.O. Population-genetic characteristics of cattle by the MC4R (Melanocortin 4 receptor) gene // International bulletin of Veterinary Medicine. 2024. (4):518-527. DOI 10.52419/issn2072-2419.2024.4.518
3. Safina N.Yu., Gilemkanov I.Yu., Zinnatova F.F., Shakirov Sh.K. Characteristic of milk productivity of cows-heifers with different genotypes of Somatotropin (GH) // Vestnik of Kazan State Agrarian University. 2019. 3(54):58-61. DOI 10.12737/article_5db9535ed384a3.87060395
4. Kras K., Ropka-Molik K., Muszyński S., Arciszewski M. Expression of Genes Encoding Selected Orexigenic and Anorexigenic Peptides and Their Receptors in the Organs of the Gastrointestinal Tract of Calves and Adult Domestic Cattle (*Bos taurus taurus*) // International Journal of Molecular Sciences. 2024. 25(1): 533. DOI 10.3390/ijms25010533
5. Xu X., Bai J., Feng T., Xiao L., Song Y., Xiao Y., & Liu Y. N-octanoylated ghrelin

- peptide inhibits bovine oocyte meiotic resumption // *General and comparative endocrinology*. 2018. 263:7-11. DOI 10.1016/j.ygcen.2018.04.016
6. Kowalewska-Łuczak I., Szembek M., Kulig H. Ghrelin gene polymorphism in dairy cattle // *Journal of Central European Agriculture*. 2011. 12(4):744–751. DOI 10.5513/JCEA0112.4.984
7. Shnawa M., Al-Khuzai H.M.H., Al-Yaseri A.J.A. Relationship of GHRL Gene Polymorphism with Milk Production and Components in Holstein Cows // *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*. 2023. 1213:012083. DOI 10.1088/1755-1315/1213/1/012083.
8. Śpiewak, M., Kowalewska, I. Polymorphism in the GHRL Gene and Milk Production Traits in Jersey Cattle // *Folia Pomer. Univ. Technol. Stetin., Agric., Aliment., Pisc., Zootech*. 2023. 368(67):35-40. DOI 10.21005/AAPZ2023.67.3.4
9. Daş A., Şahin T., Akbulut Ö., Bengü A.Ş., Bozkaya F. Türkiye’de yetiştirilen et ırkı kültür sığırlarında leptin, ghrelin ve insülin benzeri büyüme faktörü -1 (IGF-1) gen polimorfizmlerinin belirlenmesi // *Hararan Üniv. Vet. Fak. Derg.* 2019. 8(1): 112-119. DOI 10.31196/huvfd.592643