
Molekuláris genetikai vizsgálatok a gazdasági állatfajok termelési eredményének javítása érdekében

Árnyasi Mariann

Magyar Tudományos Akadémia, Szent István Egyetem,
Állattenyésztési Kutatócsoport, Gödöllő

ÖSSZEFOGLALÁS

A szerző ebben az anyagban a molekuláris genetikai kutatásokkal kapcsolatos tudományos közlemények anyagát dolgozta fel a teljességre való törekvés nélkül, az Európai Állattenyésztők Szövetségének 51. nemzetközi konferenciáján bemutatott tudományos eredményeket alapul véve. Az volt a célja, hogy ismertesse az ezen a területen elért legújabb kutatási eredményeket, rámutatva arra, hogy ez a tudományterület egyre fontosabb szerepet tölt be az állattenyésztési kutatásokban és a gyakorlati állattenyésztés területén.

SUMMARY

The author analysed the publications related to molecular genetics presented at the 51st annual meeting of the European Association for Animal Production. Her aim was to make the latest molecular genetic results known and to emphasise that this discipline plays an increasingly important role in research and the practical fields of animal breeding and production.

A gazdaságos termeléshez, a tenyésztési eredmények hatékony és gyors fejlesztéséhez egyre nagyobb szükség van a gazdaságilag fontos értékmérő tulajdonságok nemcsak élettani, de genetikai hátterének megismerésére is. E tulajdonságokat (tejtermelés, tej összetétel, hústermelés, húsminőség, betegségekkel szembeni rezisztencia) meghatározó gének feltérképezése és az ezekre végzett közvetlen szelekció olyan eszköz, mely a hagyományos szelekciós eljárásokkal együtt alkalmazva egységnyi idő alatt nagyobb mértékű genetikai előrehaladás elérését teszi lehetővé.

A témakörön belül a tejtermeléssel, a szaporasággal, valamint a vágott test és húsminőséggel kapcsolatos legújabb kutatási eredményeket igyekszem az alábbiakban bemutatni, az Európai Állattenyésztők Szövetségének 51. nemzetközi konferenciáján bemutatott tudományos közleményekre támaszkodva.

TEJTERMELÉS

A tejtermelési tulajdonságok fiziológiai indikátorainak ismeretében növelhető a szelekció pontossága, továbbá lehetővé válik a jobb termelési adottságokkal rendelkező állatok genetikai azonosítása életük korai szakaszában.

A **növekedési hormon** (*growth hormone – GH*) egyike lehetne ezeknek az indikátoroknak, mivel kulcsszerepet játszik a táplálóanyag hasznosításában, a tőgy növekedésében és fejlődésében. Szövet specifikus működésű, hatását közvetlenül a növekedési hormon receptoron, vagy közvetve az

inzulin-szerű növekedési faktor-1-on (inzulin like growth factor-1-IGF1) keresztül fejti ki.

Számos tanulmányban foglalkoztak a szarvasmarha **növekedési hormon** polimorfizmusok és a gazdaságilag fontos tulajdonságok közötti összefüggés vizsgálatával.

Lucy és mtsai (1991) korábbi közleményükben az említett gén olyan polimorf régiójáról számoltak be, ahol egy nukleotid csere játszódik le. Ennek következtében a fehérje 127-es aminosav pozíciójában a Leucin (Leu) helyére Valin (Val) kapcsolódik. Úgy találták, ez a polimorfizmus összefüggésben van a tejtermelési tulajdonságokkal. Az aminosav csere miatt a fehérjemolekula szerkezetében és aktivitásában bekövetkező változás felelős a termelésbeli eltérésekért.

Lee és mtsai (1996) pozitív szignifikáns összefüggést találtak a Leu allél és a tejhozamra számított becslt tenyészték között holstein-fríz állományon.

Ezzel ellentétben Eppard és mtsai (1992) úgy találták, hogy a Val allél van pozitív hatással a tejtermelésre.

Kratochilová és mtsai (2000) 142 holstein-fríz egyed genotípusát határozták meg a Leu/Val polimorfizmusra nézve, és vetették össze az eredményt a tejtermelési tulajdonságokkal (tejtermelés, tejfehérje termelés, fehérje %, tejsírtermelés, zsír %). Mivel csak egyetlen egyed volt Val/Val homozigóta, ezért annak eredményét nem vonták be a statisztikai értékelésbe. A másik két csoport (Val/Leu és Leu/Leu) termelési eredménye között nem találtak szignifikáns különbséget.

Grochowska és mtsai (2000) a *GH*, az *IGH-1 hormon-termelés és a GH-gén polimorfizmus*, valamint a tejtermelés és a Val/Leu polimorfizmus közötti összefüggést tanulmányozták lengyel fríz szarvasmarha állományon. Eredményeik azt mutatják, hogy a Val allélt hordozó egyedeknél a GH, a Leu allélt hordozóknál az IGF-1 hormon-termelés volt jelentősebb mértékű. Szignifikáns különbséget találtak a homozigóták, valamint a homo- és heterozigóta genotípusok között a tejtermelési tulajdonságokra nézve. A Leu/Val heterozigóták tejtermelése és fehérjehozama volt a legnagyobb, a legtöbb tejsírt termelők a Leu/Leu homozigóták voltak.

Hasonló vizsgálatokat végeztek iráni kutatók a GH-gén, a GH-receptor gén és a tejtermelés közötti összefüggés kiderítésére holstein-fríz állományon. A növekedési hormon gén megvizsgált szakasza és a tejtermelés, tejsírtermelés illetve zsír % között nem, a GH-receptor gén általuk vizsgált polimorfizmusa és a tejhozam illetve zsír %-ra számított becslt

tenyészték között szignifikáns összefüggést találtak (Torkamanzahi és mtsai, 2000).

Mivel a különböző szerzők által közölt eredmények nem igazolják minden esetben egymást, ezért a GH-gén polimorfizmus markerként való alkalmazása megfontolandó. A pontosabb összefüggés meghatározásához további vizsgálatokra van szükség.

Tejtermelés vonatkozásában Moisisino és mtsai (2000) 494 finn ayrshire bika genotípusát határozták meg, több mint 150 mikroszatellit markerre nézve **QTL-ek detektálása** céljából. Tejtermelést befolyásoló géneket azonosítottak az 1, 5, 6, 12, 20-as, fehérjetermelést befolyásoló géneket az 5, 6, 25-ös kromoszómákon. A tejsírtermeléssel összefüggésben a 6, 14, a fehérje %-kal kapcsolatosan a 6, 14 és 23-as kromoszómán azonosítottak QTL-t.

Francia kutatók 14 holstein-fríz bika ivadékcsoportját 24 tejtermelési tulajdonság alapján értékelték és 169 genetikai markerre tesztelték (Boichard és mtsai, 2000). A vizsgált markerek közül 31 olyan gén közelében volt, melyek szignifikánsan befolyásolják valamelyik tulajdonságot. A kapott eredményeket számos korábban közölt tanulmány is alátámasztja.

Az eddig megjelent közlemények azt mutatják, hogy a szarvasmarha 6. kromoszómáján több olyan QTL foglal helyet, mely valamely tejtermelési tulajdonság kialakításában játszik szerepet. Freyer és mtsai (2000) tej, tejsír és tejfehérje mennyiséget befolyásoló géneket azonosítottak ezen a kromoszómán.

Az *as1-kazein* (*as1-Cn*) és a *β-laktoglobulin* (*β-Lg*) *tejfehérje* polimorfizmus és a tejtermelés közötti összefüggést vizsgálták Ramos és mtsai (2000) portugál merinó állományon. Az *as1-Cn* esetében a CD genotípusú egyedeknek nagyobb volt a tejtermelése a CC genotípusú társaikéhoz képest. A *β-Lg* esetében pedig az AA homozigóta anyajuhok tejsírtermelése volt nagyobb az AB és BB genotípusúak termeléséhez viszonyítva. Nem találtak szignifikáns különbséget az *as1-Cn* genotípusok között a tejmennyiség és tejsírtermelés, illetve a *β-Lg* genotípusok között a tejtermelés és tejfehérje termelésre vonatkozóan.

SZAPORASÁG

A szaporaság az elsődleges értékmérő tulajdonságok egyike. A gazdaságos termelést alapvetően meghatározza valamennyi gazdasági állatfaj esetében.

A sertésfajban végzett kutatások eredményei szerint az *ösztrogén receptor gén* (*ESR*), a *prolaktin receptor gén* (*PRLR*) és a *retinol kötő fehérje 4 gén* (*RBP4*) egyes alléljai befolyásolják az élve született malacszámot.

Hamann és mtsai (2000) három eltérő genetikai csoportból (német landrace, duroc és egy szintetikus vonal) származó 2144 koca termelési adatait (élve született malacszám) használták fel tanulmányuk során. A szintetikus vonal esetében a hátszalonna

vastagság és a napi testsúly gyarapodás eredményeit is bevonták a vizsgálatba az esetleg fellépő pleiotróp hatás azonosítása céljából. Négy kandidáns lokuszra (*ESR*, *PRLR*, *RBP4* és *osteopontin gén*) nézve meghatározták az egyedek genotípusát. Az első három lokusz esetében 2 allélt azonosítottak az egyes genetikai csoportokban. Az osteopontin gén sokkal polimorfabbnak bizonyult, a vizsgált német landrace állományban 7, a szintetikus vonalban 6, a duroc állományban 3 allélját azonosították. A *PRLR* lokusz B allélja pozitívan befolyásolta az alomszámot, de csak a duroc állomány esetén kapták ezt az eredményt. Az *ESR* lokuszra valamennyi egyed homozigóta AA volt a duroc és landrace állományban. A szintetikus vonalban AA homozigóta és AB heterozigóta genotípust is azonosítottak, homozigóta BB azonban ebben a genetikai csoportban sem fordult elő. Ez esetben nem találtak összefüggést a genotípus és a vizsgált termelési tulajdonságok között. A *RBP4* lokuszra vonatkozó vizsgálataik eredményei szerint a gén az alomszámot nem befolyásolja, a hátszalonna vastagságra a heterozigóta egyedeknél szignifikánsan pozitív hatása van. Összefüggést találtak az osteopontin lokusz néhány allélja és az alomszám között. A 3-as számú allél pozitívan, az 5-ös negatívan befolyásolta az élve született malacszámot mindhárom genetikai csoportban. A hátszalonna vastagságra és a napi testsúlygyarapodásra viszont nem volt szignifikáns hatása.

A szaporaságot befolyásoló valamely **nagyhatású gén** azonosítása hatékony eszköz lehet a szaporulati eredmények javításában. Több szapora juh fajta esetében jegyezték le ilyen géneket.

Görögországban a *chios* a legszaporább juh fajta, mely esetében feltételezhető nagyhatású gén jelenléte. Chatziplis és mtsai (2000) négy eltérő módszerrel dolgozták fel az alomszámra vonatkozó adatokat. Az eredmények nem mutattak egyértelműen monogénes öröklődési formát. Feltételezik, hogy van egy másik nagyhatású gén is, s a kettő közel helyezkedik el egymáshoz, kapcsolatosan öröklődnek. A szerzők további utód- és genetikai vizsgálatok elvégzését tartják szükségesnek a *chios* fajtában, az alomszám öröklődési típusának pontos kiderítéséhez.

Az ovulációs rátát növelő, így a szaporaságot befolyásoló nagyhatású gént a *booroola* fajtában is leírták, mely a juh 6. kromoszómáján helyezkedik el, bár magát a gént egyelőre még nem sikerült azonosítani. A génhez közel eső, azzal kapcsolatos öröklődő markerek ismerete lehetővé teszi az egyedek *FecB* genotípusának meghatározását és az arra végzett szelekciót.

Gotwine és mtsai (2000) egy olyan tenyésztési programot ismertettek közleményükben, ahol a molekuláris genetikai ismereteket felhasználták a szelekciós program során. A nagy tejtermelésre és az intenzív termelési rendszerhez való alkalmazkodó képességre végzett sokévi szelekció eredményeként olyan awassi és assaf tejelő juhállományokat sikerült létrehozni Izraelben, melyek világviszonylatban is kiváló tejtermelési eredményekkel rendelkeznek. A

nagy tejhozam mellett azonban az ellésenkénti élve született bárányszám alig éri el az 1,2-1,5 bárányt. Mivel a bevétel közel 40%-a a bárány értékesítésből származik, fontos feladat a szaporulati eredmények javítása. Ennek érdekében 1986-ban elindítottak egy olyan tenyésztési programot, melynek célja volt a Fec^B (booroola) nagyhatású gén elterjesztése a tejelő állományokban. A markerek segítségével végzett szelekciót és az ovulációs ráta eredményeit (mint szelekciós kritériumot) együtt alkalmazták, használták fel a program során. Ennek eredményeként az Afec-awassi és Afec-assaf állományok szaporulati eredménye olyan mértékben javult, hogy jelenleg átlagosan eléri a kívánatos 2 élve született bárányt ellésenként. Közeli-keleten az awassi a legelterjedtebb juh fajta, mely közel 80 millió egyed számú. A booroola génre homozigóta Afec kosok, vagy azok spermáinak használata ezen állományokban, egy regionális tenyésztési program keretében megvalósítva, hozzájárulhat a szaporaság növeléséhez, javítva a gazdaságosságot, ezzel együtt elősegítve az intenzív termelési rendszerek irányába történő átalakulást az elmaradott területeken. Természetesen, a gazdasági előny nagymértékben függ az adott területen jelentkező bárány értékesítési ártól.

A tejelő szarvasmarha fajták esetében is felmerült az **ikerellésre való szelekció** lehetősége.

A Norvég Tejelő Szarvasmarha Adatgyűjtési Rendszer 1978 óta, az egész országra kiterjedően rendszeresen gyűjti a legfontosabb termelési adatokat, így pontos, jól használható termelési eredményekkel rendelkezik.

Lien és mtsai (2000) ezt az adatbázist használva azonosítottak ikerellést befolyásoló QTL-eket az 5, 7 és 23-as kromoszómákon.

Karlsen és mtsai (2000) az 5. kromoszómán elhelyezkedő QTL pontos helyét 3 cM hosszú régióban helyezték el.

VÁGOTT TEST- ÉS HÚSMINŐSÉG

A hús minőségének egyik meghatározó, jellemző paramétere az **izom- és zsírszövet mennyisége és összetétele**.

A vizsgálatok azt igazolják, hogy az izom és zsírszövet összetételében és szerkezetében megjelenő fenotípusos variancia nagyobb mértékben függ a genetikai háttértől, mint például a növekedés vagy a vágott test minőség, melyek kialakításában a környezet jelentős szerepet játszik. Éppen ezért célszerű olyan kandidáns géneket keresni, melyek részt vesznek az izom növekedés és zsírbeépülés szabályozásában.

A születés előtti izomfejlődést elsősorban az **MRF géncsalád** befolyásolja (*myogenin-MYOG és myogenic factor 1-MYOD1*). A MYOD1 gén az izomképző sejtek kialakulásának megindításában és az azokat körülvevő sejtek osztódásában játszik szerepet, míg a MYOG gén a myoblast differenciálódását szabályozza. A hormon érzékeny lipáznak (LIPE) a zsírszövetben lejátszódó triglicerid mobilizációban van kulcsszerepe.

Fiedler és mtsai (2000) a sertés fajon végzett vizsgálataik során megállapították, hogy a MYOD1 génre heterozigóta (AC) egyedek esetében az oxidatív, gyorsan összehúzódó izomrostok aránya nagyobb a teljes izomroston belül, mint a homozigóta társaiknak. A LIPE gén és a zsírsavösszetétel között is szignifikáns összefüggést találtak. Az AA homozigóta egyedeknél alacsonyabb volt C14 és C20-as zsírsavak koncentrációja a másik két genotípushoz viszonyítva.

Az izomképződésben szintén fontos szabályozó szerepet tölt be a **FOS fehérje (foszfoprotein)**, mely részt vesz mind a sejtképződés, mind az izom- és idegszövet differenciálódás kontrollálásában. A FOS proto-oncogén 4-es axonján bekövetkezett pontmutáció (A/G) eredményeként a FOS fehérje 258-as aminosav helyén az Asparagin helyett Serin épül be.

Reiner és mtsai (2000) a FOS gén polimorfizmus és a vázizomzat rostszerkezete közötti összefüggésről számoltak be. Két egymástól genetikailag távol álló (pietrain és meinshan) sertésfajta keresztezéséből származó 316 F₂ egyed húsmínőség vizsgálatát végezték el. Meghatározták a fehér rost számát, arányát, átmérőjét, a tejsav szintet, valamint az egyedek FOS genotípusát. Eredményeik azt mutatták, hogy a B allélt hordozó egyedeknél (itt az Adenin kapcsolódik a DNS láncon, a fehérjében pedig az Asparagin) jóval nagyobb volt az egységnyi izomterületre vetített fehér rost aránya és száma, ugyanakkor a fehér rost átmérője az AA homozigóta egyedek esetében növekedett meg. Az izomban lejátszódó anyagcsere folyamatok és a FOS genotípus között is szignifikáns összefüggést találtak. A BB genotípusú egyedek esetében jóval magasabb volt az egységnyi fehér rost átmérőre vetített tejsav szint – ami vízenyősebb húst eredményez – (+18,4%) és r-érték (az ATP lebontási folyamatra vonatkozó index; az izommerevség kialakulásának folyamatára jellemző érték) (+11,2%).

Ez az eredmény rendkívül kedvező és hasznos lehet a gyakorlati sertésenyésztésben.

A színhústermelésre végzett intenzív szelekció következtében ugyanis egyre nagyobb lett a stresszérzékeny, PSE húst adó egyedek száma a modern európai és amerikai sertésfajtákban. Ez részben azzal magyarázható, hogy az egyed színhústermelési kapacitását a vázizomzat rost összetétele, szerkezete döntő mértékben meghatározza. A nagyobb színhús termelésekor megnövekszik a rostátmérő és a fehér rost aránya, ez együtt jár a tejsav fokozott termelésével és az r-érték növekedésével, melynek eredménye a PSE hús.

Ez az ellentmondás csökkenthető az A alléllal végzett szelekcióval, mely esetében növekszik a rostátmérő, ugyanakkor csökken az egységnyi rostátmérőre vetített tejsav szint.

A színhústermelés növelése, a hús:faggyú arány javítása a húshasznú szarvasmarha tenyésztőket is legalább annyira foglalkoztatja, mint a sertésenyésztőket.

Mindamellet, hogy a fogyasztói igények is ez irányba változtak, gazdaságossági szempontból is

fontos feladat, hiszen a faggyútermelésnek nagyobb az energiaigénye, mint az izomtermelésnek, így költségesebb is.

A vázizomzat növekedését a fent említett tényezők mellett a **miosztatin hormon** is befolyásolja, az izomsejtek alakulásán keresztül.

Short és mtsai (2000) hereford, limousin és a duplafarúság génjét hordozó piedmontese fajták keresztezett állományán vizsgálták a duplafarúságot okozó **miosztatin** mutáns gén hatását. A génhordozó egyedeknek nagyobb volt a születési súlya, a vágósúlya, csökkent a faggyúboritottság. Csökkent a medence keresztmetszet is, mellyel egyidejűleg növekedett a nehéz ellések gyakorisága. Az izmoltság mérsékelt növelése limousin keresztezéssel növelhető, piedmontese esetében ez még nagyobb mértékű lehet, de számolni kell a nehéz ellés előfordulásával. Ezért célszerű, ha a tehének nem hordozzák a duplafarúságot okozó gént.

A **vágott test és húsmínőség**re végzett szelekció esetében korlátozó tényező, hogy a tenyésztésre szánt egyed tenyészértékének meghatározása csak a rokon egyedek teljesítménye alapján végezhető el. Ez esetben a markerek segítségével végzett szelekció jelentős előnnyel járna.

Meuwissen és Goddard kiszámították, hogy akár 64%-kal nagyobb nyereség érhető el markerek segítségével végzett szelekciót alkalmazva a vágott test tulajdonságok javítása érdekében, mint hagyományos szelekciós eljárás esetén (De Koning és mtsai, 2000).

Holland kutatók három sertés genotípus keresztezéséből származó 785 F₂ egyed vágott test és húsmínőség adatait gyűjtötték össze, és végezték el a szülői egyedek genotípus meghatározását genetikai markerekre, lefedve a teljes sertés genomot. Az adatok feldolgozását és értékelését kétféle genetikai modellt alkalmazva végezték el. Az egyik a vonalkeresztezés (A), a másik az anyai féltestvér család modell (B). Az „A” megközelítés eredményeként a 2., 6., 7. testi és az X ivari kromoszómán azonosítottak QTL-eket, melyek a hátszalonna- és izomvastagságot, valamint az intramuszkuláris zsír mennyiségét befolyásolják. A „B” módszert alkalmazva két lokuszt találtak, melyek a hátszalonna vastagságot befolyásolják, továbbá azonosítottak olyan QTL-eket a 3., 4., és 13. kromoszómán, melyek a hús színének kialakításában játszanak szerepet (De Koning és mtsai, 2000). A tanulmány nemcsak új QTL-ek azonosításáról számol be, de azt is felveti, hogy célszerű többféle genetikai és statisztikai módszerrel feldolgozni, értékelni a kísérleti adatokat.

Az előzőekben ismertetett új tudományos eredmények jól bizonyítják az elmúlt évtizedben a molekuláris genetika területén végbemenő gyors fejlődést. Egyre többet tudunk meg az állati termék előállítás biológiai hátteréről, genetikai szabályozásáról, mely ismeretekre egyre nagyobb szüksége van a gyakorlati állattenyésztőnek a gazdaságos termeléshez, a termelési eredmények gyors, hatékony növeléséhez.

IRODALOM

- Boichard, D.-Grohs, C.-Bourgeois, F.-Cerqueira, F.-Faugeras, R.-Neau, A.-Rupp, R.-Amigues, Y.-Boscher, M. Y.-Levéziel, H. (2000): Detection of genes influencing economic traits in three French dairy cattle breeds. 51th Annual meeting of EAAP, Haga, Netherlands
- Chatziplis, D.-Ligda, Ch.-Gavriilidis, G.-Papadopoulos, Th.-Georgoudis, A. (2000): Oligogenic inheritance in Chios sheep breed; possible major genes. 51th Annual meeting of EAAP, Haga, Netherlands
- De Koning, D. J.-Harlizius, B.-Rattink, A. P.-Groenen, M. A. M.-Brascamp, E. W.-Van Arendok, J. A. M. (2000): Detection and characterization of quantitative trait loci for carcass and meat quality traits in pigs. 51th Annual meeting of EAAP, Haga, Netherlands
- Fiedler, I.-Hardge, T.-Nürnberg, K.-Wimmers, K.-Ender, K. (2000): Investigation of muscle microstructure and intramuscular fat traits by means of candidate gene approach in porcine resource families. 51th Annual meeting of EAAP, Haga, Netherlands
- Freyer, G.-Kuehn, C.-Hoeschele, I. (2000): Verifying the hypothesis of more than one QTL on chromosome 6 influencing the relation between both yield and content of milk protein and milk fat. 51th Annual meeting of EAAP, Haga, Netherlands
- Gootwine, E.-Zenu, A.-Bor, A.-Yassafi, S.-Rosov, A.-Pollott, G. E. (2000): Lamb and milk production in the Afec-Awassi and Afec-Assaf strains carrying the B allele of the Fec^B fecundity gene. 51th Annual meeting of EAAP, Haga, Netherlands
- Grochowska, R.-Sorensen, P.-Zwierzchowski, L.-Snochowski, M.-Lovendahl, P. (2000): Effect of growth hormone (GH) gene polymorphism on endocrine release and milk production traits in dairy cattle. 51th Annual meeting of EAAP, Haga, Netherlands
- Hamann, H.-Drögemüller, C.-Krieter, J.-Presuhn, U.-Wallenburg, J.-Distl, O. (2000): Genetic markers for litter size in German pig breeds. 51th Annual meeting of EAAP, Haga, Netherlands
- Karlsen, A.-Lien, S.-Meuwissen, T. H. E. (2000): Fine mapping of quantitative trait loci for twinning in Norwegian Cattle using Linkage Disequilibrium. 51th Annual meeting of EAAP, Haga, Netherlands
- Kratochvílová, M.-Nespor, F.-Urban, F. (2000): AluI growth hormone gene polymorphism, lifetime growth parameters and milk production in Holstein cattle. 51th Annual meeting of EAAP, Haga, Netherlands
- Lee, B. K.-Lin, G. F.-Crooker, B. A.-Murtaugh, M. P.-Hansen, L. B.-Chester-Jones, H. (1996): Association of somatotropin (bST) gene polymorphism at the 5th exon with selection for milk yield in Holstein cows. Domestic Animal Endocrinology, 13. 4. 373-381.
- Lien, S.-Karlsen, A.-Klemetsdal, G.-Vage, D. I.-Olsaker, I.-Klungland, H.-Aasland, M.-Heringstad, B.-Ruane, J.-Ronningsen, K.-Gomez-Raya, L. (2000): A primary screen of the bovine genome for quantitative trait loci affecting twinning rate. Mamm. Genome. 11. 10. 877-882.
- Lucy, M. C.-Hauser, S. D.-Eppard, P. J.-Krivi, G. G.-Collier, R. J. (1991): Genetic polymorphism within the bovine somatotropin (bST) gene detected by polymerase and endonuclease digestion. Journal of Dairy Science, 74. (Suppl. 1), 284.

-
- Moisino, S. M.-Schulman, N. F.-Koning, D. J.-Elo, K.-Velmala, R.-Virta, A.-Virta, J.-Maki-Tanila, A.-Vilkkki, J. H. (2000): A genome scan for milk production QTL in Finnish Ayrshire cattle. 51th Annual meeting of EAAP, Haga, Netherlands
- Ramos, A. M.-Matos, C. A. P.-Bettencourt, C. M. V.-Russo-Almeida, P.-Chaveiro, M. P.-Rangel-Figueiredo, T. (2000): Association between milk protein polymorphisms and milk production traits in Portuguese Merino sheep. 51th Annual meeting of EAAP, Haga, Netherlands
- Reiner, G.-Heinricy, L.-Dzapo, V.-Geldermann, H. (2000): Cloning, chromosomal assignment and characterization of the c-fos proto oncogene and association with muscle fibre traits in the pig. 51th Annual meeting of EAAP, Haga, Netherlands
- Short, R. E.-Grosz, M. D.-MacNeil, M. D.-Grings, E. E. (2000): Effects of muscularity on pelvis area and efficiency in Hereford, Limousin and Piedmontese F₂ crossbred calves genotyped for Piedmontese myostatin allele. 51th Annual meeting of EAAP, Haga, Netherlands
- Torkamanzehi, A.-Abbasi, A. R.-Hasani, A. R. (2000): Polymorphism at the GH and GHR genes of the Iranian Holstein bulls and their association with milk production traits. 51th Annual meeting of EAAP, Haga, Netherlands