

УДК 636.4:[082.12+033]:575.22

## **ДНК-ТЕСТИРОВАНИЕ ЖИВОТНЫХ МЯСНЫХ ГЕНОТИПОВ В ОАО «ВАСИЛИШКИ»**

**Тимошенко Т. Н.<sup>1</sup>, Янович Е. А.<sup>1</sup>, Заяц В. Н.<sup>1</sup>, Бурнос А. Ч.<sup>1</sup>,  
Путик А. А.<sup>2</sup>**

<sup>1</sup> – РУП «Научно-практический центр НАН Беларуси по животноводству»  
г. Жодино, Республика Беларусь;

<sup>2</sup> – УО «Белорусский государственный педагогический университет  
имени М. Танка»  
г. Минск, республика Беларусь

Современное свиноводство развивается и совершенствуется на основе достижений генетики и биотехнологии. Признавая ведущую роль традиционных методов разведения, следует отметить, что применение только классической селекции уже не может обеспечить должного уровня эффективности селекционно-племенной работы [1]. Использование отбора по генетическим маркерам выводит селекцию на новый уровень, позволяя непосредственно оценивать генотипы, выявлять носителей скрытых мутаций в гетерозиготном состоянии, изучать детерминанты формирования продуктивности, используя ДНК-маркеры в генетическом мониторинге и управлении селекционным процессом [2].

Цель исследований – изучить генетическую структуру животных мясных генотипов по генам RYR1, ESR, PRLR, H-FABP и IGF2. У свиной взяты биопробы ткани (ушной выщип). В лаборатории молекулярной биотехнологии и ДНК-тестирования РУП «НПЦ НАН Беларуси по животноводству» проведено ДНК-тестирование животных методом ПЦР-ПДРФ по генам RYR1, ESR, PRLR, H-FABP и IGF2.

В результате проведенных исследований установлено, что у свиноматок сочетания ЙхЛ полиморфизм гена RYR1 не обнаружен, животные со стрессчувствительным генотипом nn отсутствовали. Идентифицирован генотип RYR1<sup>NN</sup> (100 %), что свидетельствует о высокой резистентности исследуемых животных к стрессу и указывает на отсутствие необходимости проведения у них в дальнейшем полномасштабной молекулярной генной диагностики стрессовой чувствительности. С целью исключения появления стрессчувствительных животных, достаточно проведения диагностики хряков на Гродненском племпредприятии,

сперму которых используют при осеменении свиноматок в ОАО «Васи-лишки».

Большое внимание в селекции свиней уделяют репродуктивным качествам животных. Использование генетических маркеров продуктивности позволяет усовершенствовать генетический потенциал пород свиней и повысить эффективность селекционной работы [3, 4]. Генетическое тестирование по гену ESR позволило выявить полиморфизм данного гена, представленный двумя аллелями: ESR<sup>A</sup> и ESR<sup>B</sup>. Идентифицированы генотипы: ESR<sup>AA</sup>, ESR<sup>AB</sup> и ESR<sup>BB</sup>. Концентрация аллелей ESR<sup>B</sup> и ESR<sup>A</sup> у свиноматок сочетания ЙхЛ составила 0,48 и 0,52 соответственно. Большинство животных имели генотип ESR<sup>AB</sup> – 52,4 %. Частоты встречаемости генотипов ESR<sup>AA</sup> и ESR<sup>BB</sup> составили 26,2 и 21,4 % соответственно.

Пролактиновый рецептор (PRLR) – это специфичный рецептор для гормона пролактина, являющегося одним из важнейших гормонов репродуктивной функции. Ген пролактинового рецептора является маркером репродуктивных качеств в свиноводстве благодаря своей роли в процессе воспроизводства. Выявлен полиморфизм гена PRLR, представленный двумя аллелями – А и В, установлено наличие всех трех генотипов AA, AB и BB. Частота встречаемости желательного генотипа PRLR<sup>AA</sup> составила 42,9 %, аллеля PRLR<sup>A</sup> – 0,62 соответственно.

Исследована частота встречаемости комплексных генотипов RYR1/ESR/PRLR у свиноматок родительской формы ЙхЛ. Определено девять комплексных генотипов. Наиболее часто повторяются генотипы NN/AB/AA (23,8 %) и NN/AB/AB (19,0 %), редко встречаются генотипы NN/AA/BB (4,8 %) и NN/BB/BB (2,4 %).

Изучена генетическая структура молодняка, полученного при скрещивании свиноматок сочетания ЙхЛ с двухпородными хряками ЙхД, ЛхД и ДхП по генам H-FABP и IGF-2. При диагностике гена H-FABP по типу H частота предпочтительного по содержанию внутримышечного жира генотипа H-FABP<sup>HH</sup> составила 33,3-55,6 % у молодняка сочетаний (ЙхЛ)х(ДхП), (ЙхЛ)х(ЙхД) и (ЙхЛ)х(ЛхД). При этом частота встречаемости аллеля H составила 0,52-0,73. Частота встречаемости гомозиготного генотипа H-FABP<sup>hh</sup> составила 11,1-29,7 %. У молодняка сочетания (ЙхЛ)х(ДхП) с наибольшей частотой встречался гетерозиготный генотип H-FABP<sup>hh</sup> – 37,0 %.

Генотипирование по гену IGF-2 показало наличие животных с генотипами QQ, Qq и qq. У животных сочетаний (ЙхЛ)х(ЛхД) и (ЙхЛ)х(ЙхД) удельный вес предпочтительных гомозигот IGF-2<sup>QQ</sup> составил 70,4 %, у молодняка сочетания (ЙхЛ)х(ДхП) – 59,3 %. Частота

встречаемости нежелательного гомозиготного генотипа IGF-2<sup>q</sup> составила 3,7 %, у животных сочетания (ЙхЛ)х(ЛхД) данный генотип отсутствует.

#### ЛИТЕРАТУРА

1. Эрнст, Л. К. Генетические основы селекции сельскохозяйственных животных / Л. К. Эрнст. – Москва, 2004. – 733 с.
2. Достижения и перспективы использования ДНК-технологий в свиноводстве / Т. И. Епишко [и др.]. – Витебск: ВГАВМ, 2012. – 254 с.
3. ДНК-технологии в животноводстве / Н. В. Михайлов [и др.] // Актуальные проблемы развития биотехнологий: сб. материалов междунар. науч.-практ. конф., Екатеринбург, 23–24 мая 2013 г. / Урал. гос. аграр. ун-т; науч. ред.: И. М. Донник, Б. А. Воронин. – Екатеринбург, 2013. – С. 147-148.
4. Полиморфизм локуса рецептора эстрогена в популяциях свиней разных генотипов и его ассоциация с репродуктивными признаками свиноматок / В. Н. Балацкий [и др.] // Современные проблемы интенсификации про-изводства свинины в странах СНГ: сб. науч. тр. XVII Междунар. науч.-практ. конф. по свиноводству, Ульяновск, 7–10 июля 2010 г. / М-во сел. хоз-ва РФ [и др.]; ред.: А. В. Дозоров [и др.]. – Ульяновск, 2010. – Т. 2: Разведение, селекция, генетика и воспроизводство свиней. – С. 42-47.

УДК 636.4.082.26

### **ПОЛИМОРФИЗМ МИКРОСАТЕЛЛИТНОЙ ДНК У ЖИВОТНЫХ ПОРОДЫ ЛАНДРАС, РАЗВОДИМЫХ В СГЦ «ЗАДНЕПРОВСКИЙ» ОАО «ОРШАНСКИЙ КХП»**

**Тимошенко Т. Н.<sup>1</sup>, Янович Е. А.<sup>1</sup>, Приступа Н. В.<sup>1</sup>, Заяц В. Н.<sup>1</sup>,  
Среда Е. С.<sup>2</sup>, Путик А. А.<sup>3</sup>**

<sup>1</sup> – РУП «Научно-практический центр НАН Беларуси по животноводству»

г. Жодино, Республика Беларусь;

<sup>2</sup> – с-х филиал «СГЦ «Заднепровский» ОАО «Оршанский КХП»;

п/о Заднепровское, Оршанский р-н, Республика Беларусь;

<sup>3</sup> – УО «Белорусский государственный педагогический университет  
имени М. Танка»

г. Минск, Республика Беларусь

Развитие технологий геномного анализа обусловило проведение исследований, направленных на разработку методических приемов использования молекулярно-генетической информации в селекции животных. Перспективным приемом в этой связи является использование ДНК-микросателлитов, на долю которых приходится до 30 % генома сельскохозяйственных животных. Высокополиморфный характер и менделевский тип наследования микросателлитов делает их идеальным инструментом выявления степени генетических различий между породами, группами (линиями) животных, оценки и управления степе-