

ЛИТЕРАТУРА

1. Способ получения стимулирующей подкормки для пчел / И. Ф. Горлов [и др.]. – Патент RU 2337568 С1, 10.11.2008. Заявка № 2007115743/12 от 25.04.2007.
2. Черевко, Ю. А. Чистопородное разведение медоносных пчел / Ю. А. Черевко, Л. И. Бойцелок, С. Г. Ракин. – М.: МСХА. – 2004. – 96 с.
3. Чугреев, М. К. Стимуляция развития семей пчел карпатской породы в условиях нижнего Поволжья / М. К. Чугреев, А. А. Мосолов, Е. Е. Маслова // Современные технологии производства и переработки сельскохозяйственного сырья для создания конкурентоспособных пищевых продуктов: Матер. Междунар. науч.-практ. конф. – Волгоградский государственный технический университет ВНИТИ ММС и ППЖ Россельхозакадемии. – 2007. – С. 312-315.
4. Шишканов, Д. В. Стимулирование развития семей пчел / Д. В. Шишканов, И. Ю. Верещака // Пчеловодство. – 2004 – № 8. – С. 14.
5. Diet effects on honeybee immunocompetence / A. Cédric [et al.] // Biology Letters. – 2010. – Т. 6 (4). – P. 562-570.

УДК 636.5.082.2

ПОЛИМОРФИЗМ ГЕНОВ ГОРМОНА РОСТА И ГИПОФИЗАРНОГО ФАКТОРА ТРАНСКРИПЦИИ У ПЕТУХОВ

Д. И. Матюкевич, О. В. Вертинская

УО «Гродненский государственный аграрный университет»

г. Гродно, Республика Беларусь (Республика Беларусь, 230008,

г. Гродно, ул. Терешковой, 28; e-mail: darya.matyukevich@mail.ru)

***Ключевые слова:** генетический полиморфизм, ПЦР, петухи, аллели, гормон роста, гипофизарный фактор транскрипции.*

***Аннотация.** Изучен полиморфизм генотипов и аллелей генов гормона роста GH и гипофизарного фактора транскрипции PIT-1 у петухов родительского стада кросса ROSS 308. Исследование показало важность изучения полиморфизма генов, аллельные варианты которых ассоциированы с хозяйственно полезными признаками птицы для повышения эффективности отечественного птицеводства. Проанализированы перспективные гены-кандидаты, непосредственно участвующие в формировании того или иного продуктивного признака и имеющие варианты генетического полиморфизма.*

POLYMORPHISM OF GROWTH HORMONE AND PITUITARY TRANSCRIPTION FACTOR GENES IN ROOSTERS

D. I. Matyukevich, O. V. Vertinskaya

EI «Grodno state agrarian university»

Grodno, Republic of Belarus (Republic of Belarus, 230008, Grodno, 28 Tereshkova st.; e-mail: ggau@ggau.by)

***Key words:** genetic polymorphism, PCR, roosters, alleles, growth hormone, pituitary transcription factor.*

***Summary.** Polymorphism of genotypes and alleles of the genes of growth hormone GH and pituitary transcription factor PIT-1 in roosters of the parent herd of the ROSS 308 cross was studied. The study showed the importance of studying the polymorphism of genes, allelic variants of which are associated with economically useful traits of poultry to increase the efficiency of domestic poultry farming. Promising candidate genes directly involved in the formation of a productive trait and having variants of genetic polymorphism are analyzed.*

(Поступила в редакцию 05.06.2023 г.)

Введение. Мясная промышленность является одной из важнейших отраслей экономики нашей страны, в целях которой стоит обеспечение населения продуктами питания, являющимися основным источником белка, а также залог продовольственной безопасности республики. Важнейшей подотраслью, способной решить эту задачу, является птицеводство.

В составе комплекса мероприятий по повышению эффективности птицеводства важную роль играют методы молекулярной генетики, которые основаны на анализе наследственной информации и позволяют сохранять и накапливать в кроссах желательные генотипы, которые способны стойко передавать гены от поколения к поколению дальше. Это имеет значение в получении особо ценного селекционного материала, являющегося основой при усовершенствовании существующих и создании новых форм сельскохозяйственных животных.

В настоящее время отечественные селекционеры сосредоточены на генетических аспектах с целью превращения генетического потенциала в реальные породы, породные группы и кроссы птицы. Создание новых отечественных пород и кроссов в условиях возрастающих требований к качеству и ассортименту птицеводческой продукции зависит от наличия генетического разнообразия всех видов сельскохозяйственной птицы. В связи с этим выявление и использование молекулярно-генетических маркеров, связанных с продуктивностью, в практической селекции является актуальным как для фундаментальной, так и для прикладной науки [4].

Генетические маркеры представляют собой одно из последних достижений ДНК-технологий, которые открывают новые возможности в селекции. Маркер-ассоциированная селекция (MAS) – это современное перспективное направление в животноводстве, позволяющее эффективно использовать выявленные гены-маркеры хозяйственно полезных признаков для повышения эффективности селекционной работы. В основе маркерной селекции лежит изучение полиморфизма различных целевых генов в связи с продуктивными признаками. В принципе, исследования можно разделить на два этапа. На первом этапе проводится

изучение генетической структуры исследуемой популяции, породы, кросса по целевым генам с целью определить полиморфизм конкретных локусов (генов), т. к. в случае мономорфности локуса провести отбор особей разных генотипов невозможно. В случае полиморфности исследованного локуса можно переходить к изучению связи полиморфизма по целевым маркерам с продуктивными признаками. Результаты можно использовать в селекции с целью получения потомства с желательными генотипами, которые характеризуются оптимальными значениями интересующих нас показателей мясной продуктивности [2, 6].

Ген гормона роста (GH, соматотропин) играет решающую роль в контроле роста и метаболизма, что приводит к потенциальной корреляции между полиморфизмами GH и экономическими признаками. Ген GH расположен на 19-й хромосоме у птицы и содержит 5 экзонов и 4 интрона с общей длиной 4,1 килобайта [1, 3]. Соматотропин, синтезируемый аденогипофизом, относится к пептидным гормонам и участвует в обеспечении широкого спектра физиологических функций у птицы, важнейшими из которых являются рост и дифференцировка тканей [7, 8, 10].

Гипофизарный фактор транскрипции (PIT-1) представляет собой полипептид, который участвует в регуляции транскрипции генов, кодирующих пролактин, гормон роста и другие. Ген гипофизарного фактора транскрипции является важным элементом в общей регуляции метаболизма у птицы и других видов сельскохозяйственных животных. По данным научных исследований, ген содержит ряд полиморфных участков. Один из участков этого гена, который находится в 5-м экзоне гена, был изучен методом полимеразной цепной реакции с последующим расщеплением продукта эндонуклеазой рестрикции EcoRI [5, 9].

Цель работы – изучить полиморфизм генов гормона роста и гипофизарного фактора транскрипции у петухов родительского стада кросса ROSS 308, определить частоты встречаемости различных аллелей и генотипов.

Материалы и методы исследования. Исследования проводили на петухах родительского стада кросса ROSS 308 в возрасте 324 дня (100 голов) в производственных условиях ОАО «Агрокомбинат «Скидельский» Гродненского района. Изучение полиморфизма генов гормона роста и гипофизарного фактора транскрипции проводили в УО «Гродненский государственный аграрный университет» и отраслевой научно-исследовательской лаборатории «ДНК-технологий». ДНК выделяли из образцов крови, которые отбирали из гребня с помощью скарификатора на стерильную фильтровальную бумагу. Каждый

образец подсушивали, маркировали и индивидуально упаковывали для предотвращения контаминации.

Для оценки полиморфизма изучаемых генов генотипирование проводили методом ПЦР-ПДРФ-анализа.

Праймеры для амплификации фрагмента гена GH:

GH 1: 5' – ATC CCC AGG CAA ACA TCC TC – 3';

GH 2: 5' – CCT CGA CAT CCA GCT CAC AT – 3'.

ПЦР-программа: «горячий старт» – 3 мин при 95 °С; 30 циклов: денатурация – 30 с при 95 °С, отжиг – 30 с при 65 °С, синтез – 30 с при 72 °С; достройка – 5 мин при 72 °С.

Генотипы идентифицировались с проведением рестрикции. Для рестрикции амплифицированного участка используют эндонуклеазу рестрикции MspI.

– GH^{AA} – 539/237 п. н.;

– GH^{AB} – 539/392/237/147 п. н.;

– GH^{BB} – 392/237/147 п. н.;

На рисунке 1 представлена картина распределения фрагментов ДНК после проведения рестрикции и электрофореза.

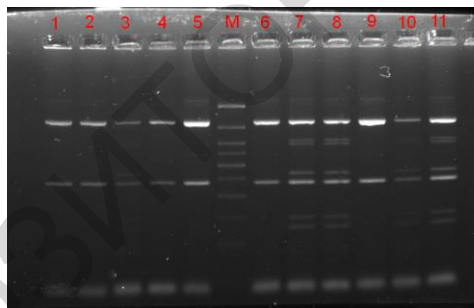


Рисунок 1 – Электрофореграмма гена GH у петухов родительского стада кросса ROSS 308, М – маркер молекулярного веса, 1-12 – амплифицированные фрагменты

Для амплификации участка гена PIT-1 использовались следующие праймеры и программы:

PIT-1: 5' – GTC AAG GCA AAT ATT CTG TAC C – 3';

PIT-2: 5' – TGC ATG TTA ATT TGG CTC TG – 3'.

ПЦР-программа: «горячий старт» – 3 мин при 95 °С; 35 циклов: денатурация – 30 с при 95 °С, отжиг – 30 с при 60 °С, синтез – 30 с при 72 °С; достройка – 5 мин при 72 °С.

Генотипы идентифицировались без проведения рестрикции по результатам амплификации. Длина амплифицированного фрагмента – 387 п. н. При расщеплении продуктов амплификации были идентифицированы следующие генотипы:

- PИT-1^{II} – 387 п. н.;
- PИT-1^{ID} – 330/387 п. н.;
- PИT-1^{DD} – 330 п. н.

Генотипирование исследуемой птицы показало генотипы, представленные на электрофореграмме (рисунок 2).

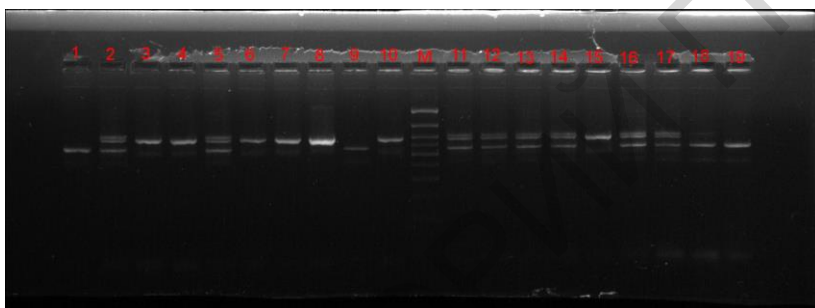


Рисунок 2 – Электрофореграмма гена PИT-1 у петухов родительского стада кросса ROSS 308, M – маркер молекулярного веса, 1-19 – амплифицированные фрагменты

Частоту встречаемости генотипов рассчитывали по формуле 1:

$$P = n / N, \quad (1)$$

где P – частота определенного генотипа;
n – количество животных, имеющих определенный генотип;
N – общее число животных.

Частота встречаемости аллелей по гену гормона роста рассчитана по формуле 2, а по гену гипофизарного фактора транскрипции – по формуле 3 по Е. К. Меркурьевой (1977).

$$\begin{aligned} pA &= 2n AA + n AB / 2N \\ qB &= 2n BB + n AB / 2N, \end{aligned} \quad (2)$$

$$\begin{aligned} pI &= 2n II + n ID / 2N \\ qD &= 2n DD + n ID / 2N, \end{aligned} \quad (3)$$

где pA – частота аллеля A;
qB – аллель B;
pI – частота аллеля I;
qD – аллель D;
n – количество гомозиготных или гетерозиготных особей;

N – общая численность обследованных животных;

2N – число аллелей данного двухаллельного локуса в обследованной популяции.

Результаты исследований и их обсуждение. В результате ДНК-генотипирования исследуемого поголовья петухов родительского стада определен полиморфизм изучаемых генов GH и PIT-1, который представлен по каждому из генов двумя аллелями и тремя генотипами: GH^A, GH^B и GH^{AA}, GH^{AB}, GH^{BB}; PIT-1^I, PIT-1^D и PIT-1^{II}, PIT-1^{ID}, PIT-1^{DD}. Частоты встречаемости аллелей и генотипов генов гормона роста и гипофизарного фактора транскрипции у петухов родительского стада кросса ROSS 308 ОАО «Агрокомбинат «Скидельский» представлены в таблице и на рисунках 3-6.

Таблица – Частота встречаемости генотипов и аллелей генов гормона роста и гипофизарного фактора транскрипции у петухов родительского стада кросса ROSS 308 ОАО «Агрокомбинат «Скидельский»

Ген	Частота встречаемости				
	аллелей		генотипов, %		
	A	B	AA	AB	BB
GH	0,456	0,544	16	59	25
PIT-1	I	D	II	ID	DD
	0,664	0,336	43	47	10

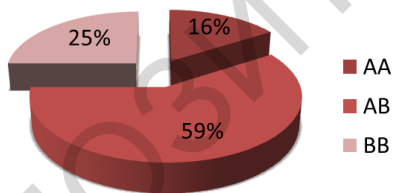


Рисунок 3 – Частота встречаемости генотипов гена гормона роста у петухов родительского стада кросса ROSS 308, %

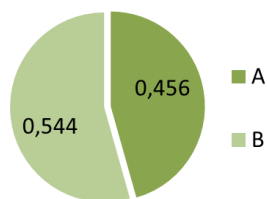


Рисунок 4 – Частота встречаемости аллелей гена гормона роста у петухов родительского стада кросса ROSS 308

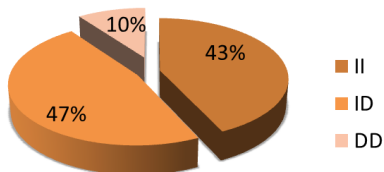


Рисунок 5 – Частота встречаемости генотипов гена гипофизарного фактора транскрипции у петухов родительского стада кросса ROSS 308, %

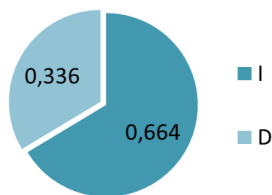


Рисунок 6 – Частота встречаемости аллелей гена гипофизарного фактора транскрипции у петухов родительского стада кросса ROSS 308

Из данных таблицы и рисунков 3-6 видно, что в группе петухов родительского стада кросса ROSS 308 чаще встречались особи с генотипом GH^{AB} и $PIT-1^{ID}$. При этом частота встречаемости аллелей GH^A и GH^B была на уровне 0,456 и 0,544, а аллелей $PIT-1^I$ и $PIT-1^D$ – 0,664 и 0,200. Среди исследуемого поголовья количество петухов с генотипом GH^{AA} составило 16 %, или 29 голов, с генотипом GH^{AB} – 59 %, или 106 голов, и с генотипом GH^{BB} – 25 %, или 45 голов. По гену $PIT-1$ генотипы имели следующее распределение: $PIT-1^I$ – 43 % (77 гол.), $PIT-1^{ID}$ – 47 % (85 гол.) и $PIT-1^{DD}$ – 10 % (18 гол.).

Заключение. В результате проведенных исследований в группе петухов родительского стада кросса ROSS 308 установлена частота генотипов и аллелей генов-маркеров мясной продуктивности GH и $PIT-1$. Таким образом, определение полиморфных типов генов гормона роста и гипофизарного фактора транскрипции может быть полезным при селекции сельскохозяйственной птицы по показателям роста и мясной продуктивности.

ЛИТЕРАТУРА

1. Генетическое разнообразие линий кур белорусской селекции по аллельному составу генов PRL , GH и $IGF-1$, ассоциированных с продуктивностью / А. Н. Заинчковская [и др.] // Молекулярная и прикладная генетика: сборник научных трудов / Институт генетики и цитологии НАН Беларуси. – Минск: Институт генетики и цитологии НАН Беларуси, 2021. – Т. 31 – С. 124-133.
2. Коршунова, Л. Г. Использование генетических методов на основе ДНК-маркеров продуктивных признаков в селекции кур / Л. Г. Коршунова, Р. В. Карапетян // Птицеводство. – 2021. – № 5. – С. 4-7.
3. Генетическая структура кур украинской селекции мясояичного направления продуктивности / С. В. Рудая [и др.] // Актуальные проблемы интенсивного развития животноводства. – 2018. – № 1. – С. 93-99.
4. Терлецкий, В. П. Выявление аллельных вариантов гена рецептора гормона роста у кур / В. П. Терлецкий, В. И. Тыщенко // Аграрная Россия. – 2019. – № 7. – С. 30-33.

5. Терлецкий, В. П. Полиморфизм гена гипофизарного фактора транскрипции у кур / В. П. Терлецкий // IX Лужские научные чтения. Современное научное знание: теория и практика: Материалы международной научной конференции, Санкт-Петербург, 22 мая 2021 года / Отв. редактор Т. В. Седлецкая. – Санкт-Петербург: Ленинградский государственный университет имени А.С. Пушкина, 2021. – С. 13-16.
6. Влияние гена гормона роста на хозяйственные признаки птицы / А. Ф. Яковлев [и др.] // Птицеводство. – 2013. – № 1. – С. 2-4.
7. A new single nucleotide polymorphism in the chicken pituitary-specific transcription factor (POU1F1) gene associated with growth rate / R. Jiang [et al.] // Animal Genetics. – 2004. – Vol. 35, No. 4. – P. 344-346 – DOI 10.1111/j.1365-2052.2004.01164.x.
8. Kulibaba, R. A. Novel AluI-polymorphism in the fourth intron of chicken growth hormone gene / R. A. Kulibaba, Y. V. Liashenko, P. S. Yurko // Cytology and Genetics. – 2017. – Vol. 51, No. 1. – P. 54-59.
9. The PIT1 gene polymorphisms were associated with chicken growth traits. / Q. Nie [et al.] // BMC Genet., 9: 2008. – P. 20-24 (doi: 10.1186/1471-2156-9-20).
10. Single nucleotide polymorphism (SNP) at the GHR gene and its associations with chicken growth and fat deposition traits / J. H. Ouyango [et al.] // British Poultry Science, 49. – 2008. – P. 87-95.

УДК 636.22/28.034(476.6)

МОЛОЧНАЯ ПРОДУКТИВНОСТЬ КОРОВ В ЗАВИСИМОСТИ ОТ ИХ ЛИНЕЙНОЙ И КРОСС ЛИНЕЙНОЙ ПРИНАДЛЕЖНОСТИ

Н. Г. Минина, Э. И. Бариева, С. П. Бычков

УО «Гродненский государственный аграрный университет»
г. Гродно, Республика Беларусь (Республика Беларусь, 230008,
г. Гродно, ул. Терешковой, 28; e-mail: ggau@ggau.by)

***Ключевые слова:** коровы, порода, селекция, линия, кроссирование, подбор, лактация, молочная продуктивность.*

***Аннотация.** Установлено, что использование различных вариантов племенного подбора оказывает влияние на продуктивные качества коров, при этом кроссирование линий способствует повышению уровня молочной продуктивности. В условиях ОАО «Скидельский» удой коров кроссов линий в среднем за три лактации составил 7200,8-7227,5 кг молока, количество молочного жира – 261,2 кг, количество молочного белка – 234,3-235,6 кг, что больше в сравнении с аналогичными показателями коров линейной принадлежности на 5,8-6,2 %, 4,2 %, 3,7-4,3 %, соответственно.*