

Библиографический список

1. Мехтиев С.М. Влияние продолжительности периода внутриутробного развития на хозяйственно-биологические качества коров: автореф. дис. ... канд. с.-х. наук: 06.02.07. / ФГБОУ ВПО «Московская государственная академия им. К.И. Скрябина», 2013. 22 с.
2. Бакай Ф.Р., Мехтиев С.М. Молочная продуктивность коров с разной продолжительностью внутриутробного развития // Главный зоотехник. 2013. № 8. С. 22-25.
3. Кадиева Т.А. Влияние различных факторов на продолжительность хозяйственного использования коров // Известия Горского ГАУ. 2010. Т. 47, № 2. С. 76-77.
4. Делян А.С. Селекционные аспекты повышения сохранности телят и продуктивного долголетия коров. М.: Изд-во РГАЗУ, 2010. 85 с.
5. Лебедько Е.Я. Научно-методическое обоснование системы формирования и совершенствования высокопродуктивных племенных стад в молочном скотоводстве // Вестник Брянской ГСХА. 2019. № 6 (76). С. 27-32.
6. Лебедько Е.Я. Факторы повышения долголетнего продуктивного использования молочных коров. Брянск, 2003.
7. О реализации крупных инвестиционных проектов в сфере АПК Брянской области / С.А. Бельченко, В.Е. Ториков, В.Ф. Шаповалов., О.В. Дьяченко, И.Н. Белоус // Вестник Брянской ГСХА. 2018. № 1 (65). С. 35-40.
8. Риск получения молока и кормов не соответствующих нормативам по содержанию цезия-137 / Н.М. Белоус, И.И. Сидоров, Е.В. Смольский, С.Ф. Чесалин, Т.В. Дробышевская // Достижения науки и техники АПК. 2016. Т. 30, № 5. С. 75-77.

УДК 636.2.082

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА БЕЛОРУССКОЙ ЧЕРНО-ПЕСТРОЙ ПОРОДЫ ПО ГЕНАМ CSN2 И CSN3 *Genetic Structure of Cattle Belarusian Black-Motley Breed of Genes CSN2 and CSN3*

Епишко О.А., канд. с.-х. наук, доцент,
Пешко В.В., канд. с.-х. наук, доцент, e-mail: valik-11@mail.ru,
Танана Л.А., д-р с.-х. наук, профессор,
Пешко Н.Н., канд. с.-х. наук,
Мазурек Б.Г., аспирант
Epishko O.A., Peshko V.V., Tanana L.A., Peshko N.N., Mazurek B.G.

УО «Гродненский государственный аграрный университет»
Grodno State Agrarian University

Аннотация. Изучена генетическая структура популяции крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы по генам CSN2 и CSN3. Выявлены генотипы CSN2 A1A1, CSN2 A1A2, CSN2 A2A2 и CSN3AA, CSN3AB, CSN3BB.

Abstract. *The genetic structure of the population of cattle of the Belarusian black-motley breed was studied by genes CSN2 and CSN3. The genotypes CSN2 A1A1, CSN2 A1A2, CSN2 A2A2 and CSN3AA, CSN3AB, CSN3BB were identified.*

Ключевые слова: ген бета-казеина, ген каппа-казеина, крупный рогатый скот.

Key words: *beta-casein gene, kappa-casein gene, cattle.*

Введение. В настоящее время актуальным является использование в селекции крупного рогатого скота молекулярно-генетических маркеров, несущих информацию о продуктивности животных на уровне генотипа.

Возрастающее значение производства белковой продукции диктует необходимость использования генетических и селекционных методов для повышения экономической эффективности этого производства [1].

Внимание ученых к исследованию аллельных вариантов гена бета-казеина, связано с его влиянием на здоровье человека [2]. Около 25% людей чувствительны к пептиду бета-казоморфину-7, который выделяется при переваривании молока с бета-казеином А1. Употребление молока с бета-казеином А2 уменьшает острые желудочно-кишечные симптомы молочной непереносимости, в то время как обычное молоко с бета-казеином А1 снижает активность лактозы и усиливает желудочно-кишечные проблемы [3].

Разработка новых методов молекулярно-генетического анализа предоставила практическую возможность использования ДНК-маркеров в селекции. В настоящее время особое внимание уделяется локусу гена одного из основных молочных белков – каппа-казеина. Известно, что аллельные варианты молочного белка каппа-казеина (CSN3B) связаны с показателями белкомолочности и технологическими свойствами молока при изготовлении творога и сыра [1].

В связи с этим предлагается считать генотипы бета-казеина (CSN2) и каппа-казеина (CSN3) экономически важным селекционным критерием для пород крупного рогатого скота, специализированных в молочном направлении продуктивности. Современные методы ДНК-технологии позволяют идентифицировать генотипы молочных белков у производителей и молодняка, что значительно ускоряет решение задач современной селекции. Генотипы CSN2 и CSN3 можно использовать в качестве генетических маркеров и селекционным путем закреплять наиболее ценные из них в следующих поколениях.

Исходя из вышеизложенного, целью наших исследований явилось изучение генетической структуры популяции крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы по генам бета-казеина и каппа-казеина.

Материал и методика исследований. Исследования проведены в отраслевой научно-исследовательской лаборатории «ДНК-технологий» учреждения образования «Гродненский государственный аграрный университет».

Полиморфизм генов бета-казеина и каппа-казеина изучен в популяции коров (n=1000) крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы, содержащихся в ООО «Беларуськалий-Агро» управляющая компания холдинга «Беларускалий-Агро».

Генотипирование животных по генам CSN2 и CSN3 проводили с использованием метода полимеразной цепной реакции (ПЦР) и полиморфизма длин рестрикционных фрагментов (ПДРФ). Ядерную ДНК выделяли из ткани (ухо) перхлоратным методом. Основные растворы для выделения ДНК, амплификации и рестрикции готовили по Т. Маниатису, Э. Фрич, Дж. Сэмбруку [4]. Для амплификации участка гена CSN2 использовали праймеры:

CASB1: 5'GAGTCGACGCAGATTTTCAACATCAGTGAGAGTCAGGCCCTG3'

CASB2: 5'CCTGCAGAATTCTAGTCTATCCCTTCCCTGGGCCCATCG3'

ПЦР программа: «Горячий старт» – 950С 5 мин; 35 циклов: денатурация – 94°С 1 мин, отжиг – 65°С 1 мин, синтез – 72°С 10 мин; достройка – 720С 10 мин. Амплификацию проводили в реакционной смеси объемом 15 мкл, содержащей 10хTaq-буфер, 10 мМ dNTP, 50мМ MgCl₂, 20–25пМ каждого праймера, 1U Taq-полимеразы, 0,5 мкл геномной ДНК. Концентрацию и специфичность амплификата оценивали электрофоретическим методом в 1,5% агарозном геле (при напряжении 110 В) в течение 30 мин. Длина амплифицированного фрагмента – 251 п.н. Генотипы идентифицируются после проведения рестрикции с использованием рестриктазы Taq I (16 часов при температуре 370С):

- 251 п.н. – А2А2;

- 251 п.н., 213 п.н. – А1А2;

- 213 п.н., 38 п.н. – А1А1.

Для проведения полимеразной цепной реакции (ПЦР) использовали олигонуклеотидные праймеры:

CAS1: 5' -ATA GCC AAA TAT ATC CCA ATT CAG T- 3'

CAS2: 5'- TTT ATT AAT AAG TCC ATG AAT CTT G -3'.

Концентрацию ДНК, специфичность амплификата и результаты рестрикции оценивали электрофоретическим методом в агарозном геле, окрашенном бромистым этидием, с помощью трансиллюминатора в проходящем УФ-свете с длиной волны 260 нм. В качестве

маркера использовали ДНК плазмиды рBR322, расщепленную рестриктазой AluI. По 10 мкл амплификата расщепляли рестриктазой HindIII при температуре 37°C в течение 4-х часов. Продукты рестрикции разделяли электрофоретически в 4% агарозном геле при напряжении 100 вольт, в течение 1 часа. Для анализа распределения рестриционных фрагментов ДНК в агарозном геле после электрофореза использовали компьютерную видеосистему и программу VITran.

Частота встречаемости аллелей по гену бета-казеина рассчитана по формуле 1, а по гену каппа-казеина – по формуле 2 по Е.К. Меркурьевой [5].

$$\begin{aligned} pA_1 &= 2n A_1A_1 + n A_1A_2 / 2N \\ qA_2 &= 2n A_2A_2 + n A_1A_2 / 2N \end{aligned} \quad (1)$$

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

где pA_1 – частота аллеля A_1 ;

qA_2 – частота аллеля A_2 ;

pA – частота аллеля A ;

qB – частота аллеля B ;

n – количество гомозиготных или гетерозиготных особей;

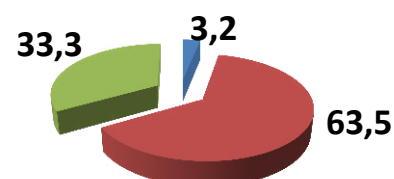
N – общая численность обследованных животных;

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

Результаты исследований и их обсуждение. В результате исследований установлено, что частота встречаемости аллелей A_1 и A_2 гена бета-казеина составила 0,350 и 0,650 соответственно (рис. 1). Анализ распределения генотипов бета-казеина в популяции коров белорусской черно-пестрой породы (рисунок 2) позволил установить преобладание животных с генотипом CSN2 A_1A_2 (63,5% или 635 голов) над животными с генотипом CSN2 A_2A_2 (33,3% или 333 головы). Генотип CSN2 A_1A_1 был выявлен только у 32 животных из исследуемой группы (3,2%).



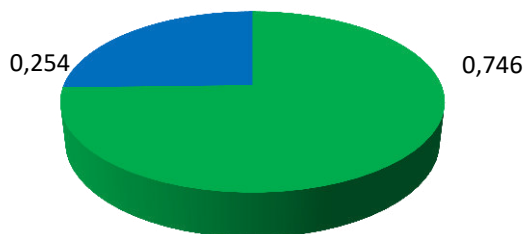
■ CSN2 A1 ■ CSN2 A2



■ CSN2 A1A1 ■ CSN2 A1A2 ■ CSN2 A2A2

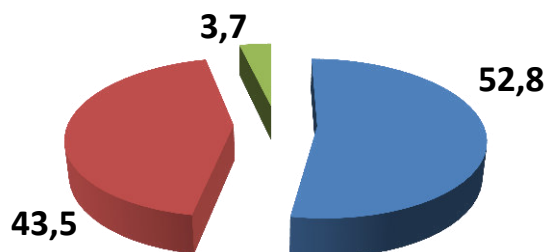
Рисунок 1 – Частота встречаемости аллелей гена бета-казеина в популяции коров белорусской черно-пестрой породы

Рисунок 2 – Частота встречаемости генотипов по гену бета-казеина в популяции коров белорусской черно-пестрой породы %



■ CSN3A ■ CSN3B

Рисунок 3 – Частота встречаемости аллелей гена каппа-казеина в популяции коров белорусской черно-пестрой породы



■ CSN3 AA ■ CSN3 AB ■ CSN3 BB

Рисунок 4 – Частота встречаемости генотипов по гену каппа-казеина в популяции коров белорусской черно-пестрой породы %

Данные рисунка 3 свидетельствуют о том, что соотношение частот аллеля CSN3A и CSN3B в популяции коров белорусской черно-пестрой породы находилось на уровне 0,746 и 0,254 соответственно. В изучаемой группе коров чаще встречался генотип CSN3AA (52,8% или 528 голов), чем генотипы CSN3AB (43,5% или 435 голов) и CSN3BB (3,7% или 37 голов) соответственно (рис. 4).

Заключение. Таким образом, исходя из полученных результатов исследований, считаем необходимым проводить ДНК-диагностику крупного рогатого скота по генам бета-казеина и каппа-казеина и учитывать полученные результаты при разработке перспективных планов селекционно-племенной работы, направленных на совершенствование хозяйственно-полезных признаков животных белорусской черно-пестрой породы и красной белорусской породной группы, отдавая предпочтение животным-носителям аллелей CSN2 A2 и CSN3B.

Библиографический список

1. Использование ДНК-тестирования по гену CSN3 в селекции молочного крупного рогатого скота: монография / Л.А. Танана и др. Гродно: ГГАУ, 2014. 193 с.
2. Evaluation of bovine beta casein polymorphism in two dairy farms located in northern Italy / E. Massella [et al] / Italian Journal of Food Safety. 2017. Vol. 6:6904. S. 131-133.
3. Kim J.J. Translation attenuation via 3' terminal codon usage in bovine csn1s2 is responsible for the difference in α 2- and β -casein profile in milk / J.J Kim [et al] / RNA Biology 12:3. – March, 2015. S. 354-367.
4. Маниатис Т., Фрич Э., Сэмбрук Дж. Молекулярное клонирование. М.: «Мир», 1984. 480 с.
5. Меркурьева Е.К. Генетические основы селекции в скотоводстве. М.: Колос, 1977. 239 с.
6. Лебедько Е.Я., Никифорова Л.Н. Совершенствование скота черно-пестрой породы // Животноводство России. 2009. № 3. С. 45-46.
7. Лебедько Е.Я. Факторы повышения долголетнего продуктивного использования молочных коров. Брянск, 2003.
8. Лебедько Е.Я., Данилкив Э.И., Никифорова Л.Н. Молочное и мясное скотоводство: учебное пособие для студентов по специальности 310700 - "Зоотехния". Брянск, 2004.
9. Лебедько Е.Я. Научно-методическое обоснование системы формирования и совершенствования высокопродуктивных племенных стад в молочном скотоводстве // Вестник Брянской ГСХА. 2019. № 6 (76). С. 27-32.

УДК 636.122.082

ХАРАКТЕРИСТИКА ГЕНДЕРНЫХ ОСОБЕННОСТЕЙ СКОРОСПЕЛОСТИ ЛОШАДЕЙ ЧИСТОКРОВНОЙ ВЕРХОВОЙ ПОРОДЫ *Characteristics of Gender Features of Speed of Horses of Pure-Blooded Horse Breed*

Маркин С.С., канд. с.-х. наук, доцент, e-mail: markinss@yandex.ru,

Козлов С.А., д-р биол. наук, профессор, e-mail: ksa64@mail.ru,

Зиновьева С.А., канд. биол. наук, доцент, e-mail: pyhkarev@mail.ru

Markin S.S., Kozlov S.A., Zinovieva S.A.

ФГБОУ ВО «Московская государственная академия ветеринарной медицины
и биотехнологии – МВА имени К.И. Скрябина»

Moscow State Academy of Veterinary Medicine and Biotechnology - MVA named after K.I. Scriabin

Аннотация. Изучена возрастная (от 1,5 до 4-х лет) динамика весовой нагрузки на пять, набора живой массы и интенсивности её прироста у 78 лошадей чистокровной верховой породы, рожденных и выращенных в одном из ведущих конных заводов РФ. Установлено, что жеребцы демонстрируют более высокую интенсивность формирования скелетно-мышечной системы в период от 2,5 до 4 лет, когда интенсивность прироста их живой массы в 7,8 раз превышает таковую в первый период наблюдений. Кобылы чистокровной верховой породы, напротив,