

ГЕНОТИПИРОВАНИЕ ЦЫПЛЯТ-БРОЙЛЕРОВ КРОССА ROSS 308 ПО ГЕНАМ ГОРМОНА РОСТА И ГИПОФИЗАРНОГО ФАКТОРА ТРАНСКРИПЦИИ

Матюкевич Д. И., Вертинская О. В.

УО «Гродненский государственный аграрный университет»
г. Гродно, Республика Беларусь

Использование ДНК-технологий позволяет более точно определять генетический потенциал животных, контролировать их здоровье и продуктивность, а также улучшать качество продукции. Именно поэтому в последнее время использование генов-кандидатов стало мощным методом для генетического улучшения как в животноводстве, так и в птицеводстве.

Гормон роста (GH) является крайне важным гормоном в процессе роста и развития животных. Он участвует в целом ряде сложных метаболических процессов. Изменения в его активности, которые связаны с точечными мутациями в структурной или регуляторной части гена, влияют как на общебиологические характеристики, так и на формирование продуктивных качеств у кур, поэтому ген гормона роста привлекает пристальное внимание исследователей.

Среди генов, регулирующих важные метаболические процессы в организме цыплят-бройлеров, ген гипофизарного фактора транскрипции (PIT-1) занимает особое место. Ген гипофизарного фактора транскрипции является важным элементом в общей регуляции метаболизма у птицы и других видов сельскохозяйственных животных [1-3].

Целью настоящего исследования является изучение полиморфизма гена гормона роста (GH) и гипофизарного фактора транскрипции (PIT-1) у цыплят-бройлеров кросса ROSS 308 с использованием молекулярно-генетической дифференциации.

Исследования проводили на базе отраслевой научно-исследовательской лаборатории «ДНК-технологий» учреждения образования «Гродненский государственный аграрный университет» и в производственных условиях ОАО «Агрокомбинат «Скидельский» Гродненского района.

Материалом для исследования служила ДНК, выделенная из образцов крови цыплят-бройлеров указанного выше кросса, которую отбирали из гребня с помощью скарификатора на стерильную фильтровальную бумагу. Отобрано 180 проб крови от птицы. 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'.

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.

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'.

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

– PIT-1^{II} – 387 п. н.;

– PIT-1^{ID} – 330/387 п. н.;

– PIT-1^{DD} – 330 п. н.

В результате проведенных исследований по генотипированию цыплят-бройлеров кросса ROSS 308 установлено, что в исследуемом поголовье чаще встречались особи с генотипом GH^{AB} и с генотипом PIT-1^{II}. Соотношение частот аллелей GH^A и GH^B составило 0,45 и 0,55, а аллелей PIT-1^I и PIT-1^D – 0,297 и 0,703. Среди опытного поголовья количество цыплят-бройлеров с генотипом GH^{AA} составило 16,1 %, или 29 голов, с генотипом GH^{AB} – 57,8 %, или 104 головы, и с генотипом GH^{BB} – 26,1 %, или 47 голов. По гену PIT-1 генотипы имели следующее распределение: PIT-1^{II} – 48,3 % (87 гол.), PIT-1^{ID} – 43,9 % (79 гол.) и PIT-1^{DD} – 7,8 % (14 гол.).

ЛИТЕРАТУРА

1. Кулибоев, Ф. И. Использование ДНК-технологий в животноводстве / Ф. И. Кулибоев, А. С. Иванова // Актуальные вопросы развития отрасли животноводства на современном этапе: Сборник трудов всероссийской научно-практической конференции, посвященной 100-летию со дня рождения А. В. Малова, Тюмень, 17 мая 2023 года. – Тюмень: Государственный аграрный университет Северного Зауралья, 2023. – С. 74-77.
2. Пояркова, Т. А. Использование ДНК-технологий для оценки происхождения, показателей здоровья и отбора животных / Т. А. Пояркова, А. Е. Болгов; Петрозаводский государственный университет. – Петрозаводск: Петрозаводский государственный университет, 2021. – 78 с.
3. Новгородова, И. П. Генетические маркеры мясной продуктивности птицы / И. П. Новгородова // Птицеводство. – 2018. – № 7. – С. 6-8.