

Выявление предпочтительных, с точки зрения селекции, вариантов гена CAPN1 позволит дополнительно к традиционному отбору животных проводить селекцию на основе ДНК-технологий, т. е. по генотипу, что в итоге даст возможность осуществлять целенаправленное разведение предпочтительных генотипов мясного скота и тем самым ускорить процесс селекции на мясные качества.

#### ЛИТЕРАТУРА

1. Barendse W.J., Bunch R., Thomas M. et al. The TG5 thyroglobulin gene test for a marbling quantitative trait loci evaluated in feedlot cattle // Austr. J. xp. Agricult. – 2004. – Vol. 44. – P. 66.
2. Costello S., O'Doherty E., Troy D.J. et al. Association of polymorphism in the calpain I, calpain II and growth hormone genes with tenderness in bovine M. longissimus dorsi // Meat. Science. – 2007. – Vol. 75. – P. 551–557.
3. Page BT, Casas E, Heaton MP, Cullen NG, Hyndman DL, Morris CA, Crawford AM, Wheeler TL, Koohmaraie M, Keele JW, Smith TPL: Evaluation of single-nucleotide polymorphisms in CAPN1 for association with meat enderness in cattle. J Anim Sci 2002, 80:3077-3085.5.
4. Thomas MB, Bunch RJ: Epistasis between calpain 1 and its inhibitor calpastatin within breeds of cattle. Genetics 2007, 176(4):2601-2610.

УДК 636:2:4.082

#### МАРКЕРНАЯ СЕЛЕКЦИЯ В МОЛОЧНОМ СКОТОВОДСТВЕ

**Епишко О. А., Пешко В. В., Пешко Н. Н., Чебуранова Е. С.,  
Комендант Т. М., Юрага Н. В.**

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

Эффект селекции в молочном скотоводстве является одним из определяющих факторов экономики ведения отрасли. Направление ее, в свою очередь, зависит от таких факторов, как потребность населения в продуктах питания и перерабатывающей промышленности – в сырье. Селекция крупного рогатого скота в настоящее время отличается рядом особенностей: долговременное хранение генетического материала и возможность эффективного использования генофонда мировых пород позволило существенно увеличить масштабы и темп улучшения молочного скота, расширить диапазон распространения наследственной информации отдельных производителей.

В ускорении совершенствования молочной продуктивности специализированных пород крупного рогатого скота выделяют два направления использования молекулярно-генетических маркеров. Одно из них – выявление у крупного рогатого скота генов молочной продуктивности. Например, при картировании QTL главных признаков мо-

лочной продуктивности (удой, содержание белка и жира в молоке) у животных голштинской породы установлена разная локализация таких генов в хромосомах в зависимости от страны, где проводились исследования. Очевидно, что результаты таких исследований будут существенно зависеть от особенностей генофонда рассматриваемых пород животных, а также от факторов окружающей среды, в которой они разводятся. До недавнего времени использование генетических методов в селекции животных со стороны практиков вызывало много вопросов, отчасти потому, что большинство количественных признаков имеют полигенный характер наследования, что осложняет ведение селекционной работы. Однако разработка новых методов молекулярно-генетического анализа предоставила практическую возможность использования ДНК-маркеров в селекции.

Цель наших исследований направлена на разработку методов применения генов-маркеров PRL (пролактина), BLG ( $\beta$ -лактоглобулина) и HG (гормона роста) в селекционном процессе крупного рогатого скота для повышения молочной продуктивности.

Экспериментальная часть работы осуществляется в лаборатории ДНК-технологий УО «ГГАУ».

В качестве объекта исследования мы использовали быков-производителей и коров белорусской черно-пестрой породы. Предмет исследования: биопробы ткани и спермы.

Полиморфизм генов бета-лактоглобулина исследовали методом ПЦР-ПДРФ анализа.

Для амплификации участка генов BLG были подобраны праймеры и программы: BLG 1: 5' -TGT GCT GGA CAC CGA CTA CAA AAA G - 3'; BLG 2: 5'- GCT CCC GGT ATA TGA CCA CCC TCT -3'.

BLG:ПЦР-программа: «горячий старт» – 5 мин при 94<sup>0</sup>С; 35 циклов: денатурация – 60 с при 94<sup>0</sup>С, отжиг – 60 с при 60<sup>0</sup>С, синтез – 60 с при 72<sup>0</sup>С; достройка – 5 мин при 72<sup>0</sup>С.

Для рестрикции амплифицированного участка гена BLG использовали эндонуклеазы: BsuRI (HaeIII). При расщеплении продуктов амплификации по гену BLG идентифицируются следующие генотипы: BLG<sup>AA</sup> – фрагмент 148, 99 п.н. (ассоциирован с более высокой молочной продуктивностью); BLG<sup>AB</sup> – фрагменты 148, 99, 74 п.н.; BLG<sup>BB</sup> – фрагменты 99,74 п.н. (ассоциирован с более высоким содержанием жира и белка в молоке и обуславливает больший выход сыра).

Оценку полиморфизма гена пролактинового рецептора проводили с использованием следующих праймеров и программы:

- PRLR 1: 5' - CGA GTC CTT ATG AGC TTG ATT CTT- 3';  
- PRLR 2: 5' - GCC TTC CAG AAG TCG TTT GTT TTC- 3.'

ПЦР-программа: «горячий старт» – 5 мин при 95<sup>0</sup>С; 30 циклов: денатурация – 30 с при 95<sup>0</sup>С, отжиг – 30 с при 63<sup>0</sup>С, синтез – 30 с при 72<sup>0</sup>С, достройка– 10 мин при 72<sup>0</sup>С.

Для рестрикции амплифицированного участка гена PRLR используют эндонуклеазу AvaII. При расщеплении продуктов амплификации рестриктазой AvaII при 37<sup>0</sup>С идентифицируются следующие генотипы: PRLR<sup>AA</sup> – 156 п.н.; PRLR<sup>AB</sup> – 156, 82, 74 п.н.; PRLR<sup>BB</sup> – 82, 74 п.н. (предпочтителен – более высокое содержание белка в молоке и выход сыра, лучшие коагуляционные свойства молока).

Оценку полиморфизма гена гормона роста GH проводили с использованием следующих праймеров и программы: GH 1: 5' -CCG TGT STA TGA GAA GC - 3' GH 2: 5' - GTT CTT GAG CAG CGC GT -3'.

ПЦР-программа:

«Горячий старт» – 4 мин при 94<sup>0</sup>С; 35 циклов: денатурация – 60 с при 94<sup>0</sup>С, отжиг – 60 с при 59<sup>0</sup>С, синтез – 60 с при 72<sup>0</sup>С; достройка– 4 мин при 72<sup>0</sup>С.

Длина амплифицированного фрагмента – 223 п.о.

При расщеплении продуктов амплификации рестриктазой Alu I при 37<sup>0</sup>С идентифицируются следующие генотипы:

GH<sup>VV</sup> – фрагмент 208 п.о.;

GH<sup>LL</sup> – фрагменты 172, 35 п.о. (ассоциирован с высокими показателями удоя и количества молочного белка);

GH<sup>LV</sup> – фрагменты 208, 172 и 35 п.о. (ассоциирован с более высоким содержанием жира в молоке).

Дальнейшие исследования направлены на изучение генетической структуры популяции и ассоциации полиморфных фрагментов генов PRL (пролактин), BLG (β-лактоглобулин) и HG (гормон роста) с молочной продуктивностью.

#### ЛИТЕРАТУРА

1. Bagnato A., F. Schiavini, A. Rossoni. Et al. Quantitative trait loci affecting milk yield and protein percentage in a three-country brown swiss population // J. of dairy science. – 2008. –V. 91, №2. P. 767-783.
2. Dybus A., W. Grzesiak, Kamieniecki H. et al. Assotiation of genetic variants of bovine prolactin with milk production traits of Black-and-White and Jersey cattle // Arch. Tierz. 2005. V. 48 No. 2. P 149-156.
3. Sirja Viitala., Joanna Szyda et al. The Role of the Bovine Growth Hormon Receptor and Prolactin Receptor Genes in Milk, Fat and Protein Production in Finnish Ayrshire Dairy Cattle // Genetics 173 2006. P. 2151-2164.