

медицины»: научно-практический журнал. – Витебск, 2011. – Т. 47. – Вып. 2, ч. 1. – С. 250-254. 4. Гринь М.П. Разведение по линиям в условиях крупномасштабной селекции молочного скота / М.П. Гринь, А.М. Якусевич, Р.В. Бекиш, В.В. Трофимова // Научные основы развития животноводства в Республике Беларусь. Минск, 1995. – Вып. 25 С. 3-11. 5. Казаровец, Н. В. Племенная работа в молочном скотоводстве : монография / Н. В. Казаровец [и др.]. - Минск : БГАТУ, 2012. - 424 с. : ил. - ISBN 978-985-519-541-3.

Статья передана в печать 20.03.2015 г.

УДК 636.2.082.2

ПОЛИМОРФИЗМ ГЕНА-МАРКЕРА BLG (БЕТА-ЛАКТОГЛОБУЛИН) И ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ЕГО В СЕЛЕКЦИИ БЫКОВ-ПРОИЗВОДИТЕЛЕЙ

Вишневец А.В., Красочко П.П., Рубенок Д.В.

УО «Витебская ордена «Знак Почета» государственная академия ветеринарной медицины», г. Витебск, Республика Беларусь

ДНК-тестирование позволяет выявлять полиморфизм гена бета-лактоглобулин (BLG) у быков-производителей и устанавливать его взаимосвязь с некоторыми хозяйственно полезными признаками. Это дает возможность использовать желательные генотипы BLG в селекции крупного рогатого скота.

DNA-testing allows to reveal a polymorphism of a gene beta-lactoglobulin (BLG) at manufacturing bulls and to establish its interrelation with some economic and useful signs. It gives the chance to use desirable genotypes of BLG in selection of cattle.

Ключевые слова: бета-лактоглобулин, быки-производители, ген-маркер, ДНК-диагностика, полиморфизм, селекция.

Keywords: beta-lactoglobulin, bull for service, gen-marker, DNA-diagnostics, polymorphism, selection.

Введение. В современных условиях развитие животноводства не возможно без разработки инновационных методов селекционно-племенной работы, внедрения информационных технологий и рационального использования генетических ресурсов.

Опыт многих стран с развитым животноводством свидетельствует о важности использования генетических маркеров, которые связаны с качественными признаками молочной продуктивности крупного рогатого скота [4].

В настоящее время с развитием молекулярной генетики и молекулярной биологии становится возможным идентификация генов, напрямую или косвенно связанных с молочной продуктивностью животных. Выявление предпочтительных с точки зрения селекции вариантов таких генов позволит дополнительно к традиционному отбору животных проводить селекцию на уровне ДНК-технологий, то есть по генотипу [5].

Массовое внедрение в животноводство ДНК-технологий позволяет изучить гены-маркеры, которые контролируют и прогнозируют важные функции у животных. Генетическое маркирование на уровне ДНК позволяет тестировать животных любого пола и возраста [2].

Внимание исследователей в последнее время привлекает локус гена одного из основных молочных белков – бета-лактоглобулин (BLG). Генотип быка по гену бета-лактоглобулин может служить дополнительным критерием при отборе животных.

В скотоводстве основную роль в повышении генетического потенциала породы по селекционным признакам играют быки-производители. Наследственные качества быка определяют уровень продуктивности стада лишь через 4-5 лет после начала его использования. Поэтому, чем раньше будет оценен бык, тем меньше будет вероятность того, что данный производитель окажется худшателем [1]. Вклад производителей в общее генетическое улучшение породы составляет от 60 до 80% [3].

Среди большого разнообразия имеющихся молекулярно-генетических методов анализа наследственного материала, и в частности ДНК, при оценке животных по генотипу предпочтение отдается методу ПЦР-ПДРФ анализа, вследствие его высокой чувствительности, точности и быстроты.

Цель исследований – изучить полиморфизм гена-маркера BLG (бета-лактоглобулин) у быков-производителей РУП «Витебское племпредприятие» и установить его взаимосвязь с некоторыми хозяйственно полезными признаками.

Материал и методы исследований. ДНК-тестирование быков-производителей по гену BLG (бета-лактоглобулин) проводили в ПЦР-лаборатории УО «Витебская ордена «Знак Почета» государственная академия ветеринарной медицины». Объектом исследований были образцы ДНК из 88 проб спермы быков-производителей РУП «Витебское племпредприятие».

Для амплификации использовали полимеразную цепную реакцию (ПЦР). Амплификацию гена BLG (бета-лактоглобулин) проводили с помощью двух синтезированных олигонуклеотидных праймеров следующего состава:

LGF: 5'-TGT-GCT-GGA-CAC-CGA-CTA-CAA-AAA-G-3'

LGR: 5'-GCT-CCC-GGT-ATA-TGA-CCA-CCC-TCT-3'

Режим амплификации: «горячий старт» – 5 минут при 94°C, 35 циклов: денатурация – 1 минута при 94°C, отжиг – 1 минута при 60°C, элонгация – 1 минута при 72°C, 1 цикл финальной элонгации – 7 минут при 72°C.

Результаты амплификации были разделены электрофорезом в 3% агарозном геле. Если в результате

рестрикции образуются фрагмент 99 и 148 п.о., то он соответствует генотипу *AA*, в случае разрезания продукта амплификации рестриктазой на фрагменты 74, 99, 148 п.о., образец диагностируется как генотип *AB*, и если образуются фрагменты 99, 74 п.о., образец диагностируется как генотип *BB*.

Материалом для исследований служили племенные карточки быков-производителей. Полученные данные обработаны биометрически с использованием программы «БИОМ» на компьютере.

Результаты исследований. Для осуществления ротаций линий племенным предприятием необходимо иметь определенное количество быков различных генотипов. Генеалогическая структура исследуемого поголовья быков РУП «Витебское племпредприятие» представлена на рисунке 1.

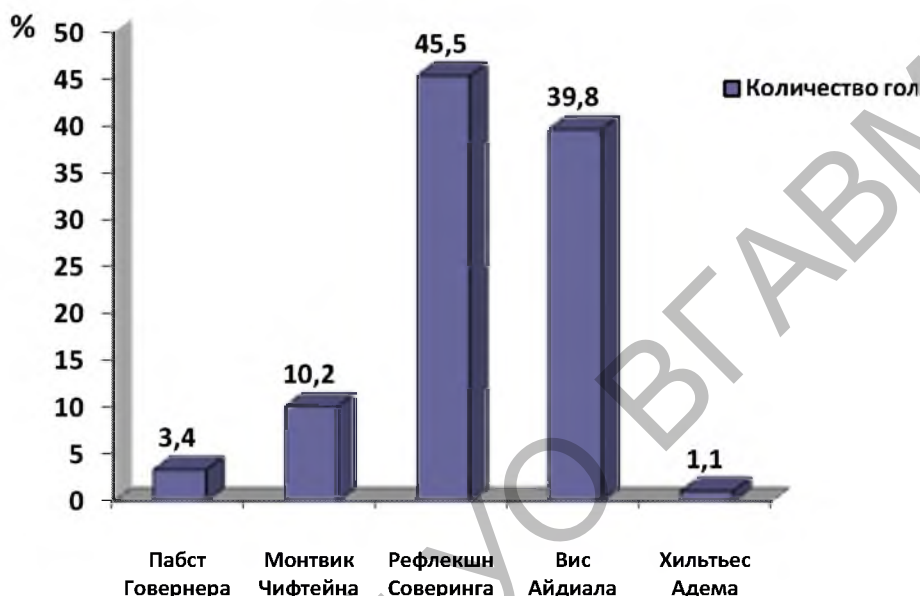


Рисунок 1 - Генеалогическая структура исследуемого поголовья быков-производителей РУП «Витебское племпредприятие»

Установлено, что быки-производители РУП «Витебское племпредприятие» принадлежали к пяти линиям голштинской и голландской селекции. Линии Рефлекшн Соверинга 198998 (45,5%) и Вис Айдиала 933122 (39,8%) занимали основную часть в популяции исследуемых быков. Наименьшее количество быков принадлежало к линиям Монтвик Чифтейна 95679 (10,2%), Пабст Говернера 882933 (3,4%) и Хильтьес Адема 37910 (1,1%).

Нами была установлена частота встречаемости генотипов по гену *BLG* у исследуемых быков-производителей (таблица 1).

Таблица 1 - Частота встречаемости генотипов *BLG* у быков-производителей различных линий, %

Линия	Генотип <i>BLG</i>		
	<i>AA</i>	<i>AB</i>	<i>BB</i>
Вис Айдиала 933122	28,41	10,23	1,14
Рефлекшн Соверинга 198998	34,09	11,36	-
Пабст Говернера 882933	2,27	1,14	-
Монтвик Чифтейна 95679	7,95	2,27	-
Хильтьес Адема 37910	1,14	-	-
Итого	73,86	25,00	1,14

В результате ДНК-тестирования быков-производителей РУП «Витебское племпредприятие» установлено следующее распределение генотипов по гену *BLG*: *AA* – 73,86%, *AB* – 25,00% и *BB* – 1,14%. Наибольшей частотой встречаемости генотипов *AA* (34,09%) и *AB* (11,36%) по гену *BLG* характеризовалась линия Рефлекшн Соверинга 198998. Генотип *BB* по гену *BLG* встречался только у линии Вис Айдиала 933122, частота встречаемости очень низкая и составила 1,14%. У быков-производителей линии Хильтьес Адема 37910 генотипа *AB* по гену *BLG* не встречалось. Полученные данные согласуются с результатами других исследований.

Признаки молочной продуктивности наследуются потомками от родителей. Для выяснения взаимосвязи аллельных вариантов гена *BLG* с молочной продуктивностью матерей быков-производителей, а именно, общим удоем за 305 дней, процентным содержанием жира и белка в молоке, количеством молочного жира и белка в молоке, нами была проведена оценка по данным признакам на основании информации, содержащейся в племенных карточках быков. Характеристика молочной продуктивности матерей быков-производителей разных генотипов гена *BLG* представлена в таблице 2.

Таблица 2 – Характеристика молочной продуктивности матерей быков-производителей разных генотипов *BLG*

Показатели	Генотип <i>BLG</i>		
	AA	AB	BB
Количество быков-производителей	65	22	1
Молочная продуктивность матерей быков			
Удой, кг	11319±148	11338±238	14012
Содержание жира, %	4,13±0,07	4,14±0,08	4,30
Количество молочного жира, кг	468±8,94	470±13,37	603
Содержание белка, %	3,17±0,02	3,25±0,03*	3,30
Количество молочного белка, кг	359±4,94	369±7,6	462

Наивысшие показатели по удою (14012 кг), содержанию жира (4,30%) и белка (3,3%) в молоке были у матери быка, имеющего генотип *BLG^{BB}*, но такое животное в исследуемом поголовье только одно. Матери быков с генотипом *BLG^{AB}* имели удой выше на 19 кг и количество молочного жира на 2 кг, чем у матерей быков с генотипом *BLG^{AA}*. Показатели содержания жира в молоке у матерей быков с генотипами *BLG^{AA}* и *BLG^{AB}* различались незначительно на 0,01%.

Установлено, что наличие в генотипе животных аллеля *BLG^B* положительно влияет на содержание белка в молоке. Выявлено, что содержание белка в молоке матерей быков с наличием генотипа *AB* гена *BLG* на 0,08% ($P < 0,05$) выше, чем у матерей быков генотипа *AA*. Количество молочного белка было выше у матерей быков с генотипом *BLG^{AB}* на 2,8%, чем у матерей быков с генотипом *BLG^{AA}*. Достоверных различий между показателями не установлено.

Одним из условий, определяющих интенсивное использование быков-улучшателей, являются количественные и качественные показатели спермопродукции. Изучение качества спермопродукции быков в зависимости от генотипа по гену *BLG* проводилось с целью выявления плейотропного действия данного гена. Воспроизводительные способности исследуемых быков различных генотипов по гену *BLG* представлены в таблице 3.

Таблица 3 - Воспроизводительная способность быков-производителей различных генотипов *BLG*

Показатели	Генотип <i>BLG</i>		
	AA	AB	BB
Объем эякулята, мл	5,27±0,12	5,22±0,19	5,20
Концентрация, млрд/мл	1,21±0,05	1,18±0,02	1,20
Оплодотворяющая способность, %	75,0±1,46	74,5±3,55	84,9

**Рисунок 2 – Индекс генотипа быков-производителей по гену *BLG***

Анализируя данные таблицы 3, следует, что наибольший объем эякулята был у быков генотипа *AA* гена *BLG*, что на 1 и 1,3% больше в сравнении с генотипами *AB* и *BB*, разница была не достоверной ($P > 0,05$). Концентрация спермиев составила 1,18-1,21 млрд/мл. Достоверных различий по данному показателю также не установлено.

Наибольшая оплодотворяющая способность (84,9%) была при осеменении коров спермой быка-производителя генотипа *BB*, что на 9,9 и 10,4% больше в сравнении с генотипами *AB* и *BB*. Достоверных различий между показателями не установлено. Таким образом, все быки-производители имеют биологически полноценную сперму с высокими показателями, характеризующими ее качество.

Использование индекса по генотипу при оценке быков-производителей позволяет ускорить темпы генетического совершенствования животных. В связи с этим нами проведен сравнительный анализ результатов индекса по генотипу у быков в зависимости от генотипа гена *BLG* (рисунок 2).

Анализ рисунка 2 показал, что быки-производители с гетерозиготным генотипом *AB* по гену *BLG* имели индекс по генотипу 109,1, что выше на 0,9 единицы, чем у быков с гомозиготным генотипом *AA*. У быка с гомозиготным генотипом *BB* по гену *BLG* был наибольший индекс по генотипу – 134 единицы.

Заключение. В результате проведенного исследования установлено, что генеалогическая структура

исследуемых быков-производителей РУП «Витебское племпредприятие» представлена пятью линиями, две линии занимали основную часть в популяции исследуемых быков: линия Рефлекшн Соверинга 198998 (45,5%) и Вис Айдиала 933122 (39,8%). Линия Монтвик Чифтейна 95679 составила 10,2%, к линии Хильтьес Адема 37910 относился один бык, что составляет 1,1%, а к линии Пабст Говернера 882933 – 3,4%.

Анализ частоты встречаемости полиморфных вариантов гена *BLG* показал, что у быков-производителей частота встречаемости генотипа *AA* составляет 73,86%, генотипа *AB* – 25,00% и генотипа *BB* – 1,14%.

Установлено, что наличие в генотипе животных аллеля *BLG^B*, положительно влияет на содержание белка в молоке. Выявлено, что содержание белка в молоке матерей быков с наличием генотипа *AB* гена *BLG* на 0,08% ($P < 0,05$) выше, чем у матерей быков генотипа *AA*. Количество молочного белка было выше у матерей быков с генотипом *BLG^{AB}* на 2,8 %, чем у матерей быков с генотипом *BLG^{AA}*. Матери быков с генотипом *BLG^{AB}* имели удой выше на 19 кг и количество молочного жира – на 2 кг, чем у матерей быков с генотипом *BLG^{AA}*. Показатели содержания жира в молоке у матерей быков с генотипами *BLG^{AA}* и *BLG^{AB}* различались незначительно на 0,01%. Достоверных различий между показателями не установлено.

Все быки-производители имеют биологически полноценную сперму с высокими показателями, характеризующими ее качество. Взаимосвязь генотипов по гену *BLG* с объемом эякулята, концентрацией спермы и оплодотворяющей способностью не установлено.

Установлено, что индекс по генотипу у производителей с генотипом *AB* по гену *BLG* был выше на 0,9 единиц, чем у быков с генотипом *AA*. Наибольший индекс по генотипу установлен у быка с генотипом *BB* по гену *BLG* (134 единицы).

Полученные результаты свидетельствуют о взаимосвязи аллельных вариантов гена *BLG* (бета-лактоглобулина) с показателями белкомолочности крупного рогатого скота. Для повышения частоты встречаемости желательных аллелей в генофонде отечественного поголовья крупного рогатого скота необходимо закреплять за маточными стадами быков-производителей с учетом их генотипов по гену *BLG*.

Литература. 1. Жебровский, Л. С. Селекция животных : учебник для вузов // Санкт-Петербурга : Лань, — 2002. — 256 с. 2. Перспективные гены-маркеры продуктивности сельскохозяйственных животных / М. А. Леонова [и др.] // Молодой ученый. — 2013. — № 12 (59). — С. 612-614. 3. Совершенствование методов оценки племенных качеств быков-производителей [Текст] : автореф. дис. ... канд. с.-х. наук 06.02.07 / Тулюкова Д. Н. ; Москва : — 2010. — 127 с. 4. Ахметов, Т. М. Полиморфизм гена бета-лактоглобулина в стадах крупного рогатого скота / Т. М. Ахметов, С. В. Тюлькин, О. Г. Зарипов // Ученые записки казанской государственной академии ветеринарной медицины им. Н. Э. Баумана. — 2010. — № 202. — С. 36-41. 5. Пешков, В. В. Оценка быков-производителей различных генотипов в РУП «Гродненское племпредприятие» по локусу гена каппа-казеина / В. В. Пешков, Л. А. Тацана. // Весці нацыянальнай акадэміі навук. — 2006. — № 5. — С. 174-176.

Статья передана в печать 10.04.2015 г.

УДК 636.4.082

ОБОСНОВАНИЕ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ МОНОБЛОЧНОЙ ЗАСТРОЙКИ ПРИ СТРОИТЕЛЬСТВЕ ПЛЕМЕННОЙ ФЕРМЫ

Волощук В.М., Смыслов С.Ю., Подтереба А.И., Сокирко М.П.

Институт свиноводства и агропромышленного производства НААН, г. Полтава, Украина

Моноблочное строительство позволяет рационально использовать производственные площади и уменьшить суммарную площадь застройки, длину системы водоснабжения и кормораздачи а также, системы навозоудаления. Применение моноблочного типа застройки, по сравнению с павильонным, позволяет уменьшить общую площадь и строительный объем свинарников, увеличить выход продукции на 1 м² производственной площади и на одного работающего. Применение новых материалов позволяет уменьшить потребление электроэнергии, повысить общий коэффициент сопротивления теплопередаче производственных помещений.

Переход с туровой на потоковую систему получения опоросов при использовании моноблочной системы застройки позволяет оптимизировать количество основных свиноматок, перемещение поголовья, увеличить количество опоросов в год на 1 свиноматку, а также увеличить суммарный выход поросят.

Monoblock construction allows to use rationally floor spaces and to reduce the total area of building, length of system of water supply and a kormorozdach and also, systems of a navozoudaleniye. Application of monoblock type of building, in comparison with stage, allows to reduce the total area and a total structural volume of pigsties, to increase production exit to 1 sq.m of a floor space and to one working. Use of new materials allows to reduce electricity consumption, to increase the general coefficient of resistance to a heat transfer of production rooms.

Transition with turovy to stream system of receiving farrows when using monoblock system of building allows to optimize quantity of the main sows, movement of a livestock, to increase quantity of farrows in a year by 1 sow, and also to increase a total exit of pigs.

Ключевые слова: племенная ферма, производство свинины, моноблочное строительство, технология, объемно-планировочные решения.

Keywords: breeding farm, production of pork, monoblock construction, technology, space-planning decisions.