

## **ГЕНЫ-МАРКЕРЫ ПРОДУКТИВНЫХ КАЧЕСТВ СВИНЕЙ БЕЛОРУССКОЙ КРУПНОЙ БЕЛОЙ ПОРОДЫ, ПРИНАДЛЕЖАЩИХ К РАЗНЫМ ЛИНИЯМ**

**Орловская Е.В.**

РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству», г. Жодино, Республика Беларусь

**Введение.** Свиноводство – динамично развивающаяся отрасль животноводства. Интенсификация селекционного процесса в свиноводстве требует научно обоснованных подходов в селекции, при этом необходимым условием повышения эффективности племенного отбора является получение точной информации о продуктивности животных в раннем возрасте, а также возможность использования их полного генетического потенциала [1].

В селекции сельскохозяйственных животных наряду с традиционными используются и новые методы оценки и отбора, одним из которых считаются современные методы ДНК-технологий, позволяющие идентифицировать гены, прямо или косвенно связанные с хозяйственно-полезными качествами. К настоящему времени выявлен целый ряд ДНК-маркеров, связанных с хозяйственно-полезными признаками или наследственными и другими заболеваниями [2]. Изучение генетических маркеров во всех отраслях животноводства – перспективное направление, многие ученые по всему миру озабочены выявлением предпочтительных генотипов, влияющих на воспроизводительные и продуктивные качества [3].

Основным свойством генетических маркеров является полиморфизм. Генетический полиморфизм – это изменения в нуклеотидной последовательности ДНК-маркера, обусловленные разными типами мутаций (точковые мутации, инсерции, делеции и т.п.). Формы проявления генетического полиморфизма получили название аллелей. Полиморфный характер конкретного локуса возрастает с увеличением числа аллелей. Наличие двух или более аллелей является необходимой предпосылкой для использования локуса в качестве возможного генетического маркера. В качестве маркеров племенной ценности животных могут также рассматриваться гены наследственных заболеваний [4].

Исходя из вышеизложенного, **целью исследований** является изучение генов-маркеров продуктивных качеств свиней белорусской крупной белой породы, принадлежащих к разным линиям.

**Материалы и методы исследований.** Научно-исследовательская работа проводилась в ОАО «Племенной завод Тимоново», Климовичского района, Могилевской области, агрогородок Тимоново. Объектом исследований являлись чистопородные животные белорусской крупной белой породы.

Генетическое тестирование по генам-маркерам эстрогенового рецептора (ESR) и связанного белка жирных кислот (H-FABP) проводилось на свиноматках и хряках, принадлежащих к разным линиям. В качестве исходного материала использовались пробы ткани ушной раковины свиней. Из образцов выделен и оптимизирован ДНК для анализа полиморфизма генов методом полимеразно-цепной реакции полиморфизма длин рестриционных фрагментов (ПЦР-ПДРФ) в соответствии с методикой Зиновьевой Н. А. (1998) в лаборатории молекулярной биотехнологии и ДНК-тестирования РУП «НПЦ НАН Беларуси по животноводству».

Частоту встречаемости генотипов определяли по формуле Е.К. Меркурьевой, (1977):

$$p = \frac{n}{N}, \quad (1)$$

где  $p$  – частота определения генотипа;

$n$  – количество особей, имеющих определенный генотип;

$N$  – общее число особей в популяции.

Частоту встречаемости аллелей рассчитывали по формулам максимального правдоподобия Ю.П. Алтухова (1989):

$$p(A) = \frac{2n_{AA} + n_{AB}}{2N}, \quad (2)$$

где  $p$  – частота аллеля  $A$ ;

$n_{AA}$  – количество особей с гомозиготным генотипом;

$n_{AB}$  – количество особей с гетерозиготным генотипом;

$N$  – общее число особей в популяции.

$$q(B) = \frac{2n_{BB} + n_{AB}}{2N}, \quad (3)$$

где  $q$  – частота аллеля  $B$ ;

$n_{BB}$  – количество особей с гомозиготным генотипом;

$n_{AB}$  – количество особей с гетерозиготным генотипом;

$N$  – общее число особей в популяции.

Биометрическая обработка материалов исследований осуществлялась методами вариационной статистики по П. Ф. Рокицкому [5].

**Результаты исследований.** На основе проведенных исследований и литературных источников выявлены гены-маркеры, оказывающие наибольшее влияние на продуктивные качества животных. Это – ген ESR (воспроизводительные качества) и H-FABP (мясные качества).

Коротко о каждом гене-маркере.

Ген эстрогенового рецептора (ESR) выявлен как основной ген, который связан с количеством поросят в гнезде у свиней. Характеризуется двумя общими аллелями  $A$  и  $B$ . Более лучшими воспроизводительными качествами отличаются животные, имеющие в своем геноме предпочтительный аллель  $B$  и генотип  $BB$  [6].

Ген связанного белка жирных кислот (H-FABP) является геном-маркером содержания внутримышечного жира у свиней. Данный ген

находится на длинном плече шестой хромосомы. В гене H-FABP выявлено три аллеля: А, D и H, имеющих три типа полиморфизма генов (AA, Aa, aa; DD, Dd, dd; HH, Hh, hh). Предпочтительным считается генотип aaddHH [7, 8]. Биологическая особенность данного гена – в кодировании белков, принимающих участие в липидном обмене и выполняющих функцию связывания длинных цепочек жирных кислот и перенос их внутри клетки к различным органеллам. В процессе липидного обмена происходит жиросложение между волокнами мышечной ткани, что способствует увеличению мраморности мяса [9].

Из вышесказанного следует, что генетические маркеры сохраняют в популяции редкие уникальные аллельные сочетания, и в будущем переводят селекцию на новый уровень, совершенствуя породы животных, опираясь на истинный генетический потенциал. Методы оценки животных по генотипу имеют большое значение и способствуют повышению эффективности проведения селекционной работы.

В результате молекулярно-генетических исследований биологического материала проб ДНК животных белорусской крупной белой породы, с учетом линейной принадлежности, позволили выявить частоты встречаемости аллелей и генотипов гена эстрогенового рецептора ESR (таблица 1).

Средняя частота встречаемости желательного аллеля В гена ESR в геноме свиней белорусской крупной белой породы исследуемых линий составляет 0,45, а аллеля А – 0,55. Высокая концентрация аллеля В отмечена в геноме животных линий Драчун 6007 – 0,75 и Ятти 6013 – 0,73.

Частота встречаемости желательного генотипа ВВ составила 18,2%, гетерозиготного генотипа АВ – 72,7% и генотипа АА – 9,1%.

**Таблица 1 – Частота встречаемости аллелей и генотипов по гену эстрогенового рецептора ESR у свиноматок белорусской крупной белой породы в разрезе линий**

Линии хряков	Число голов	Частота встречаемости				
		генотипов, %			аллелей**	
		ВВ	АВ	АА	В	А
Дельфин 6006	2	-	50,0	50,0	0,25	0,75
Драчун 6007	2	50,0	50,0	-	0,75	0,25
Сват 6001	2	-	100,0	-	0,50	0,50
Ятти 6013	5	-	80,0	20,0	0,73	0,27
В среднем по линиям	11	18,2	72,7	9,1	0,45	0,55

*Примечание (здесь и далее):\*\* - значения частоты аллелей в долях от 1 (единицы).*

Частотность встречаемости генотипов и аллелей гена H-FABP у хряков белорусской крупной белой представлены в таблице 2-3.

**Таблица 2 – Частота встречаемости генотипов и аллелей Н-FABP (аллельная система D) у хряков белорусской крупной белой породы с учетом их линейной принадлежности**

Линии хряков	Число голов	Частота встречаемости				
		генотипов, %			аллелей**	
		DD	Dd	dd	D	d
Дельфин 6006	2	50,0	-	50,0	0,50	0,50
Драчун 6007	2	-	100,0	-	0,50	0,50
Сват 6001	2	-	100,0	-	0,50	0,50
Ятти 6013	5	40,0	40,0	20,0	0,60	0,40
В среднем по линиям	11	27,3	54,5	18,2	0,55	0,45

**Таблица 3 - Частота встречаемости генотипов и аллелей Н-FABP (аллельная система Н) у хряков белорусской крупной белой породы с учетом их линейной принадлежности**

Линии хряков	Число голов	Частота встречаемости				
		генотипов, %			аллелей**	
		НН	Нh	hh	Н	h
Дельфин 6006	2	100,0	-	-	1,0	-
Драчун 6007	2	100,0	-	-	1,0	-
Сват 6001	2	50,0	50,0	-	0,75	0,25
Ятти 6013	5	80,0	20,0	-	0,90	0,10
В среднем по линиям	11	81,8	18,2	-	0,91	0,09

По данным таблицы 2, у тестируемых хряков линий белорусской крупной белой породы частота встречаемости предпочтительного генотипа dd гена Н-FABP составила 18,2%; гетерозиготного генотипа Dd – 54,5% и гомозиготного генотипа DD – 27,3%. Частота встречаемости аллеля D – 0,55; d – 0,45.

При анализе данных ДНК тестирования хряков белорусской крупной белой породы различных линий аллельной системе Н гена Н-FABP установлено, что у протестированных животных преобладает желательный аллель Н (от 0,75 до 1,0). В среднем по линиям частота встречаемости желательного генотипа НН составила 81,8%, гетерозиготного генотипа Нh – 18,2%. Частота встречаемости аллеля Н – 0,91, h – 0,09 (таблица 3).

**Заключение.** В результате проведенных исследований и изучения литературных источников выявлены гены-маркеры, которые оказывают наибольшее влияние на продуктивные качества животных, а именно – ген ESR, отвечающий за воспроизводительные качества и Н-FABP, связанный с мясными качествами.

Выявлено, что частота встречаемости желательного аллеля В гена ESR в геноме свиней белорусской крупной белой породы исследуемых

линий составляет 0,45, а аллеля А – 0,55. Высокая концентрация аллеля В отмечена у животных линий Драчун 6007 – 0,75 и Ятти 6013 – 0,73, что указывает на возможность проведения дальнейшей селекции на улучшения репродуктивных качеств.

Установлено, что у тестируемых хряков линий белорусской крупной белой породы частота встречаемости предпочтительного генотипа dd гена H-FABP составила 18,2%; гетерозиготного генотипа Dd – 54,5% и гомозиготного генотипа DD – 27,3%. Частота встречаемости аллеля D – 0,55; d – 0,45. При анализе данных ДНК тестирования хряков белорусской крупной белой породы различных линий аллельной системе H гена H-FABP установлено, что у протестированных животных преобладает желательный аллель H (от 0,75 до 1,0). Следовательно, животных с генотипами dd и HH в системе H-FABP можно рекомендовать к использованию в селекции для повышения мясных и откормочных качеств свиней белорусской крупной белой породы.

**Литература.** 1. Охохонина, Е. Н. Использование ДНК-маркеров в селекции свиней / Е. Н. Охохонина // *Достижения и перспективы научно-инновационного развития АПК : сб. ст. по материалам Всероссийской (национальной) науч.-практ. конф. с междунар. участием.* – Курган, 2021. – С. 848-852. 2. Максимов, А. Г. Генетические маркеры мясности свиней / А. Г. Максимов, В. В. Федюк // *Современное развитие животноводства в условиях становления цифрового сельского хозяйства: к 80-летию со дня рождения доктора сельскохозяйственных наук, профессора Приступы Василия Николаевича: материалы Международной научно-практической конференции «От инерции к развитию: научно-инновационное обеспечение сельского хозяйства», посвященной 180-летию ФГБОУ ВО «Донского государственного аграрного университета», пос. Персиановский, 21-22 сентября, 2020 г.* – Черноград, 2020. – С. 121-128. 3. Корякина, К. С. Генотипическая структура свиней разных пород по гену маркеру ESR / К. С. Корякина, Н. А. Чалова // *Современные тенденции сельскохозяйственного производства в мировой экономике : сб. материалов XX Междунар. науч.-практ. конф.* – Кемерово, 2021. – С. 446-449. 4. Генетические факторы и продуктивность свиноматок / П. А. Новиков [и др.] // *Форум молодых ученых.* – 2021. – № 6(58). – С. 572-576. 5. Рокицкий, П. Ф. Биологическая статистика / П. Ф. Рокицкий. – Изд. 3-е, испр. – Минск : Высшая школа, 1973. – 320 с. 6. Колосова, М. А. Исследования влияния полиморфизма гена ESR1 на воспроизводительные качества гибридных свиноматок / М. А. Колосова // *Вестник Донского государственного аграрного университета.* – 2022. – № 1 (43). – С. 74-77. 7. Шейко, И. П. Разработка методов молекулярной генной диагностики и их использование в свиноводстве Беларуси / И. П. Шейко, Н. А. Лобан, О. Я. Василюк // *Весці Нацыянальнай акадэміі навук Беларусі. Серыя аграрных навук.* – 2005. - № 1. – С. 62-66. 8. Associations of heart and adipocyte fatty acid-binding protein gene expression with intramuscular fat content in pigs / F. Gerbens [et al.] // *J. Anim sci. Savoy, IL: American Society of Animal Science.* – 2001. – Vol. 79, № 2. – P. 347-354. 9. Генотипирование свиней по генам H-FABP и RYR1 методом ПЦР-ПДРФ / М. А. Ковальчук [и др.] // *Зоотехническая наука Беларуси : сб. науч. тр.* – Жодино, 2018. – Т. 35, ч. 1. – С. 109-116.