

УДК 636.4.082.

**ВЛИЯНИЕ ГЕНОТИПА ХРЯКОВ ПО ГЕНАМ EPOR, MUC4 И IGF-2 НА ПРОДУКТИВНОСТЬ ПОТОМСТВА****Дойлидов В.А., Каспирович Д.А.\*, Лобан Н.А.\*\*, Быкова М.И., Михайлова Т.И.\*\*\***\*УО «Витебская ордена «Знак Почета» государственная академия ветеринарной медицины»,  
г. Витебск, Республика Беларусь\*\*РУП «Научно-практический центр НАН Беларуси по животноводству»,  
г. Жодино, Республика Беларусь

\*\*\*РСУП СГЦ «Заднепровский», Оршанский район, Витебская область

*Определены предпочтительные генотипы хряков по генам EPOR, MUC4 и IGF-2, а также их сочетания, позволяющие повысить откормочные и мясные качества получаемого от них потомства. Поэтому в схемах подбора необходимо учитывать не только генотип матери, но и отца, отдавая предпочтение генотипам EPOR<sup>CT</sup>, MUC4<sup>CC</sup> и IGF-2<sup>QQ</sup>, что позволит повысить не только связанные с генами показатели продуктивности, но и откормочные и мясные качества потомства.*

*The preferred genetic types boar are Determined on gene EPOR, MUC4 and IGF-2, but in the same way their combinations, allowing raise the productive quality, got posterity from them. So in scheme of the selection necessary to take into account not only genetic type full-grown, but also father, showing a preference genetic types EPOR<sup>CT</sup>, MUC4<sup>CC</sup> and IGF-2<sup>QQ</sup> that will allow to raise not only connected with gene of the factors to productivity, but in the same way meat quality posterity.*

**Введение.** В настоящее время в свиноводстве широко используются новые разработки, основанные на применении методов молекулярной генной диагностики животных. Возможность проведения ДНК-диагностики признаков продуктивности (мясной, скорости роста, плодовитости и т. п.) непосредственно на уровне генотипа означает, что селекционная оценка может применяться в раннем возрасте, без учета изменчивости признаков, обусловленных внешней средой, что дает преимущество перед традиционной селекцией [2].

Как известно, селекция свиней на повышение темпов роста и увеличение мясности туш традиционными методами затруднена вследствие относительно низкой наследуемости и большой вариабельности признаков. В этой связи поиск предпочтительных аллелей генов, обуславливающих повышение откормочных и мясных качеств свиней, приобретает большое значение в селекции [1, 4].

В качестве генов кандидатов продуктивных качеств, представляющих практический интерес для свиноводства, рассматриваются гены EPOR (эритропоэтиновый рецептор), оказывающий косвенное влияние на многоплодие свиноматок, IGF-2 (инсулиноподобный фактор роста - 2), характер полиморфизма которого влияет на откормочные и мясные качества свиней [6] и MUC4, обуславливающий предрасположенность молодняка свиней к колибактериозу [5].

Однако необходимо отметить, что любой ДНК-маркер должен быть исследован по ассоциативным связям со всем спектром показателей продуктивности, а генотипы оцениваться не по одному гену, а по их комплексу [3].

**Материал и методы исследований.** Генетический анализ биопроб (выщипы ушных раковин свиней), из которых были выделены и оптимизированы тест-системы для выявления полиморфных вариантов исследуемых генов методом ПЦР-ПДРФ-анализа, проводился в лаборатории молекулярной генетики (ГНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт животноводства Россельхозакадемии»). Базовыми хозяйствами были: РСУП СГЦ «Заднепровский» Оршанского района, ПЗ «Порплище» Докшицкого района Витебской области.

**Результаты исследований.** При исследовании ядерной ДНК хряков белорусской мясной и белорусской крупной белой пород был изучен полиморфизм генов EPOR, MUC4 и IGF-2, с последующим определением частот встречаемости аллелей (табл. 1) и генотипов (табл. 2).

**Таблица 1 – Частоты встречаемости аллелей генов EPOR, MUC4 и IGF-2**

Гены	Аллели	Частоты встречаемости аллелей среди хряков исследуемых пород	
		БМП	БКБП
EPOR	EPOR <sup>C</sup>	0,48	0,66
	EPOR <sup>T</sup>	0,52	0,34
MUC4	MUC4 <sup>G</sup>	0,09	0,21
	MUC4 <sup>C</sup>	0,91	0,79
IGF-2	IGF-2 <sup>Q</sup>	0,77	0,66
	IGF-2 <sup>q</sup>	0,23	0,34

В ходе анализа была установлена высокая частота встречаемости нежелательного аллеля EPOR<sup>C</sup> среди хряков исследуемых пород: белорусская мясная – 0,48 и белорусская крупная белая – 0,66. Частота встречаемости нежелательного, рецессивного аллеля IGF-2<sup>q</sup>, составила 0,77 и 0,66, соответственно. Также нами была обнаружена достаточно низкая частота встречаемости мутантного аллеля MUC4<sup>G</sup>, обуславливающего предрасположенность свиней к колибактериозу, среди хряков белорусской мясной породы, разводимой в условиях РСУП СГЦ «Заднепровский» – 0,09.

Таблица 2 – Генетическая структура хряков исследуемых пород по генам EPOR, MUC4 и IGF-2

Гены	Генотипы	Частоты встречаемости генотипов среди хряков исследуемых пород, %	
		БМП	БКБП
EPOR	EPOR <sup>CC</sup>	30,0	33,3
	EPOR <sup>CT</sup>	43,3	66,7
	EPOR <sup>TT</sup>	26,7	-
MUC4	MUC4 <sup>GG</sup>	-	1,7
	MUC4 <sup>CG</sup>	17,8	38,3
	MUC4 <sup>CC</sup>	82,2	60,0
IGF-2	IGF-2 <sup>qq</sup>	63,4	46,4
	IGF-2 <sup>Qq</sup>	26,6	39,0
	IGF-2 <sup>QQ</sup>	10,0	14,6

В ходе анализа генетической структуры по гену EPOR было установлено, что основной массив хряков имел гетерозиготный генотип EPOR<sup>CT</sup>: от 43,3 % – хряки белорусской мясной породы, до 66,7 % – хряки белорусской крупной белой породы.

По гену MUC4 частота встречаемости желательного генотипа MUC4<sup>CC</sup> на межпородном уровне варьировала в достаточно широком диапазоне: от 60 % – белорусская крупная белая порода, до 82,2 % – белорусская мясная порода.

Среди хряков белорусской мясной породы (РСУП СГЦ «Заднепровский») гомозиготного генотипа MUC4<sup>GG</sup> выявлено не было. В общем среди хряков белорусской крупной белой породы данный генотип занимал 1,7 %. Малый удельный вес генотипа MUC4<sup>GG</sup>, вероятно, связан с высоким селекционным давлением при отборе молодняка на ремонт в данных свиноводческих хозяйствах, в результате чего отсеиваются носители аллеля MUC4<sup>G</sup> – переболевшие и ослабленные особи.

Встречаемость предпочтительного генотипа IGF-2<sup>QQ</sup> у хряков белорусской крупной белой породы составила 14,6 %, а белорусской мясной – 10 %. В геноме исследованных хряков гетерозиготный генотип IGF-2<sup>Qq</sup> занимал 26,6 % (БМП) и 39 % (БКБП) от общего числа выявленных генотипов. Однако наибольший удельный вес приходился на гомозиготное проявление рецессивных аллелей (IGF-2<sup>qq</sup>) – 63,4-46,4 %, соответственно.

Любой ген как структурная единица генома может быть сцеплен с множеством других генов и в связи с этим имеет косвенную связь не с одним каким-то фенотипическим проявлением организма, а с комплексом признаков. Поэтому нами был проведен анализ возможной ассоциации генотипов хряков по исследуемым генам с откормочными и мясными качествами получаемого от них потомства (табл. 3-6).

Таблица 3 – Влияние генотипа хряков по гену EPOR на откормочные и мясные качества потомства

Показатели	Генотипы хряков		
	EPOR <sup>TT</sup>	EPOR <sup>CT</sup>	EPOR <sup>CC</sup>
Количество потомков	83	159	73
<b>Откормочные качества</b>			
Скороспелость, дн.	187±1,0	183±0,8**	187±1,1
Среднесуточный прирост, г	720±8,5	753±7,5**	716±8,5
Затраты корма на 1 кг прироста, к.ед.	3,59±0,02	3,49±0,01**	3,59±0,03
<b>Мясные качества</b>			
Длина туши, см	98,5±0,23	98,9±0,14	99,0±0,23
Толщина шпика, мм	26,8±0,32**	26,8±0,21**	27,8±0,33
Масса задней трети полутуши, кг	11,2±0,65	11,3±0,03	11,3±0,05
Площадь «мышечного глазка», см <sup>2</sup>	42,6±0,30	41,9±0,24	42,8±0,41
Убойный выход, %	68,7±0,21	69,3±0,14	69,8±0,27

В ходе анализа было установлено положительное действие наличия аллеля EPOR<sup>T</sup> в генотипе отцов на откормочные качества их потомства. Молодняк, отцы которого имели гетерозиготный генотип (EPOR<sup>CT</sup>), достигал 100 кг достоверно (P<0,01) раньше на 4 дня, среднесуточный прирост был выше на 37 г (P<0,01), или на 4,9 %, затраты корма на 1 кг прироста достоверно (P<0,01) были ниже на 0,1 к. ед., или на 2,8 %, чем у молодняка, отцы которых имели гомозиготный генотип по аллелю EPOR<sup>C</sup>. Несмотря на заметную и достоверную разницу по откормочным качествам потомство гетерозиготных самцов имело меньшую толщину шпика по сравнению со сверстниками (генотип отцов EPOR<sup>CC</sup>) на 1 мм (P<0,01).

Разница по анализируемым показателям потомства гомозиготных хряков была незначительной и не имела достоверных различий.

Аллель MUC4<sup>G</sup> оказывает отрицательное действие не только на сохранность поросят-сосунков, но и на энергию роста переболевших животных, тесно связанную с уровнем откормочных и мясных качеств свиней, которые в большей степени наследуются потомками от отца. Нами был проведен сравнительный анализ результатов контрольного откорма (КИСС РСУП СГЦ «Заднепровский») молодняка свиней в зависимости от генотипа отцов по гену MUC4.

**Таблица 4 – Влияние генотипа хряков белорусской мясной породы по гену MUC4 на откормочные и мясные качества получаемого от них потомства**

Показатели	Генотип	
	MUC4 <sup>CC</sup>	MUC4 <sup>CG</sup>
Количество потомков	247	41
Откормочные качества		
Скороспелость, дн.	184±0,6***	192±1,0
Среднесуточный прирост, г	747±5,7***	683±7,3
Затраты корма на 1 кг прироста, к.ед.	3,50±0,01***	3,73±0,03
Мясные качества		
Длина туши, см	98,9±0,12	98,2±0,34
Толщина шпика, мм	27,±0,18*	26,3±0,40
Масса задней трети полутуши, кг	11,3±0,03	11,4±0,06
Площадь «мышечного глазка», см <sup>2</sup>	42,1±0,19*	43,2±0,48
Убойный выход, %	69,2±0,12	69,0±0,43

В ходе анализа было установлено достоверное ( $P<0,001$ ) снижение среднесуточного прироста у потомков хряков с генотипом MUC4<sup>CG</sup> на 64 г, или на 8,6 %. Молодняк, отцы которого имели желательный генотип MUC4<sup>CC</sup>, достоверно ( $P<0,001$ ) раньше достигал 100 кг и имел меньшие затраты корма на 1 кг прироста живой массы, при этом разница составила 8 дней и 0,23 к. ед. В свою очередь, повышение откормочных качеств у потомства хряков с гомозиготным генотипом привело к достоверному ( $P<0,05$ ) увеличению толщины шпика на 0,8 мм и уменьшению площади «мышечного глазка» на 1,1 см<sup>2</sup>. По длине туши, массе задней трети полутуши и убойному выходу заметной разницы выявлено не было.

Результаты проведенных исследований по влиянию генотипа отцов по гену IGF-2 на мясные и откормочные качества молодняка белорусской крупной белой и белорусской мясной пород в РСУП СГЦ «Заднепровский» представлены в табл. 5-6.

**Таблица 5 – Продуктивность откормочного молодняка белорусской крупной белой породы в зависимости от генотипа отцов по гену IGF-2**

Показатели	Генотип		
	IGF-2 <sup>CC</sup>	IGF-2 <sup>Cc</sup>	IGF-2 <sup>cc</sup>
Количество потомков	23	72	119
Откормочные качества			
Скороспелость, дн.	176±1,8*	178±1,04*	181±0,7
Среднесуточный прирост, г	763±17,9	765±10,8	739±5,7
Затраты корма на 1 кг прироста, к.ед.	3,49±0,04	3,45±0,02*	3,51±0,01
Мясные качества			
Длина туши, см	95,1±1,94	97,8±0,25	97,6±0,18
Толщина шпика, мм	27,4±0,66	27,4±0,38	28,1±0,26
Масса задней трети полутуши, кг	11,1±0,07*	11,1±0,04***	10,9±0,02
Площадь «мышечного глазка», см <sup>2</sup>	41,1±0,38*	41,0±0,29*	40,0±0,23
Убойный выход, %	67,9±0,35	67,6±0,26	67,4±0,59

Анализ данных табл. 5 показал, что откормочный молодняк свиней белорусской крупной белой породы, полученный от хряков с генотипом IGF-2<sup>CC</sup>, превосходил потомков хряков с генотипом IGF-2<sup>Cc</sup>: по возрасту достижения живой массы 100 кг – на 5 дней ( $P<0,01$ ); среднесуточному приросту живой массы – на 24 г, или на 3,1%; затраты корма на 1 кг прироста были ниже на 0,02 к. ед.; превышение по массе задней трети полутуши – на 0,2 кг, или на 1,8% ( $P<0,05$ ); площади «мышечного глазка» – на 1 см<sup>2</sup>, или на 2,7% ( $P<0,05$ ).

Превышение анализируемых показателей наблюдалось и среди потомства гетерозиготных хряков IGF-2<sup>Cc</sup> в сравнении с потомством хряков нежелательного генотипа IGF-2<sup>cc</sup>: было выявлено достоверное сокращение возраста достижения 100 кг живой массы на 3 дня ( $P<0,05$ ); повышение среднесуточного прироста на 26 г, или на 3,3%; затраты корма были достоверно ниже на 0,06 к. ед., или на 1,7% ( $P<0,05$ ); превышение по массе задней трети полутуши и площади «мышечного глазка» составило 0,2 кг, или 1,9% ( $P<0,001$ ), и 1 см<sup>2</sup>, или на 2,4% ( $P<0,05$ ).

Оценка молодняка белорусской мясной породы по откормочным и мясным качествам в зависимости от генотипа отцов по гену IGF-2 показала устойчивую положительную тенденцию роста откормочных и мясных качеств свиней, отцы которых имели презумптивно-предпочтительный генотип IGF-2<sup>CC</sup>.

Было отмечено достоверное ( $P<0,001$ ) сокращение возраста достижения 100 кг живой массы на 7 дней; среднесуточный прирост достоверно ( $P<0,01$ ) был выше на 52 г, или на 6,7%; затраты корма были ниже на 0,15 к. ед., или на 4,4% ( $P<0,01$ ). По мясным качествам было выявлено достоверное увеличение массы задней трети полутуши – на 0,2 кг, или на 1,7 % ( $P<0,05$ ); площади «мышечного глазка» – на 2,1 см<sup>2</sup>, или на 4,7% ( $P<0,01$ ); убойного выхода – на 1,0 п. п. ( $P<0,05$ ).

Положительная тенденция роста показателей мясных и откормочных качеств наблюдалась и среди потомства гетерозиготных хряков IGF-2<sup>Cc</sup>, однако статистически достоверных различий выявлено не было, а средние арифметические имели промежуточные значения между потомками гомозиготных хряков IGF-2<sup>CC</sup> и IGF-2<sup>cc</sup>.

В дальнейшем мы провели исследования по влиянию комплексных генотипов хряков белорусской мясной породы на откормочные и мясные качества их потомства (табл. 7-8).

**Таблица 6 – Продуктивность откормочного молодняка белорусской мясной породы в зависимости от генотипа отцов по гену IGF-2**

Показатели	Генотип		
	IGF-2 <sup>QQ</sup>	IGF-2 <sup>Qq</sup>	IGF-2 <sup>qq</sup>
Количество потомства	21	82	150
<b>Откормочные качества</b>			
Скороспелость, дн.	180±1,7***	184±1,0	187±0,6
Среднесуточный прирост, г	773±14,9**	741±9,1	721±5,0
Затраты корма на 1 кг прироста, к.ед.	3,40±0,03**	3,52±0,02	3,55±0,01
<b>Мясные качества</b>			
Длина туши, см	99,4±0,42	98,6±0,20	98,9±0,17
Толщина шпика, мм	27,09±0,68	27,12±0,28	26,79±0,24
Масса задней трети полутуши, кг	11,4±0,11*	11,3±0,04	11,2±0,03
Площадь «мышечного глазка», см <sup>2</sup>	43,7±0,62**	42,4±0,30*	41,6±0,20
Убойный выход, %	70,0±0,39*	69,4±0,17	69,0±0,16

Как и ожидалось, с увеличением в геноме хряков концентрации желательных генотипов по исследуемым генам, уровень показателей откормочных и мясных качеств их потомства возрастал. Так молодняк, отцы которого имели комплексный генотип EPOR<sup>CT</sup>MUC4<sup>CC</sup>IGF-2<sup>QQ</sup> достоверно (P<0,001) раньше достигал 100 кг - на 13 дней, среднесуточные приросты при этом достоверно (P<0,001) были выше на 96 г, или на 12,8 %, а затраты корма на 1 кг прироста - ниже на 0,4 к. ед. (P<0,001), или на 10,4 %. Также выявлено достоверное (P<0,05) увеличение площади «мышечного глазка» на 1,9 см<sup>2</sup> в сравнении с молодняком, полученным от хряков с нежелательным сочетанием генотипов EPOR<sup>CC</sup>MUC4<sup>CC</sup>IGF-2<sup>qq</sup>.

**Таблица 7 – Влияние комплексных генотипов хряков белорусской мясной породы на откормочные качества потомства**

Сочетания генотипов	n	Скороспелость, дн.	Среднесуточный прирост, г	Затраты корма на 1 кг прироста, к. ед.
СТ-CC-QQ	14	183±1,9***	752±16,5***	3,44±0,05***
СТ-CC-Qq	12	184±2,9**	742±24,5**	3,49±0,05***
СТ-CC-qq	94	181±1,2***	774±10,5***	3,45±0,02***
CC-CC-Qq	14	186±3,1**	735±26,1**	3,56±0,08*
СТ-CG-Qq	12	190±1,0**	692±7,6*	3,67±0,04*
ТТ-CC-Qq	45	185±1,5***	740±13,7***	3,55±0,03***
ТТ-CC-qq	25	190±1,3*	691±9,4*	3,62±0,04*
CC-CC-qq	43	185±1,2***	733±9,2***	3,51±0,03***
ТТ-CG-qq	13	189±1,8**	707±13,8**	3,64±0,05*
CC-CG-qq	16	196±1,6	656±11,3	3,84±0,06

Что касается показателей мясных качеств потомства хряков с различными сочетаниями полиморфных проявлений генов, то в данном случае четкой закономерности в их проявлении не наблюдалось (табл. 8).

**Таблица 8 – Влияние комплексных генотипов хряков белорусской мясной породы на мясные качества их потомства**

Сочетания генотипов	n	Длина туши, см	Толщина шпика, мм	Масса окорочка, кг	Площадь «мышечного глазка», см <sup>2</sup>
СТ-CC-QQ	14	99,6±0,57	26,9±0,75	11,4±0,13	42,6±0,61*
СТ-CC-Qq	12	99,2±0,36	25,6±0,59	11,4±0,08	40,3±0,39
СТ-CC-qq	94	98,8±0,20	27,0±0,28	11,3±0,04	41,5±0,32
CC-CC-Qq	14	98,9±0,62	27,8±0,72	11,4±0,14	43,5±0,87
СТ-CG-Qq	12	97,9±0,20*	26,0±0,66	11,4±0,10	44,4±0,53***
ТТ-CC-Qq	45	98,6±0,29	27,8±0,36	11,3±0,06	42,7±0,35**
ТТ-CC-qq	25	98,9±0,44	25,3±0,70	10,9±0,09	41,1±0,49
CC-CC-qq	43	98,8±0,27	28,3±0,42	11,3±0,07	43,4±0,57**
ТТ-CG-qq	13	96,7±0,53***	26,2±0,63	11,4±0,10	45,2±0,79***
CC-CG-qq	16	99,6±0,57	26,5±0,77	11,3±0,12	40,7±0,59

В то же время необходимо отметить, что с повышением концентрации в геноме хряков желательных генотипов по исследуемым генам наблюдалось увеличение площади «мышечного глазка» у откармливаемого потомства. Потомки хряков с комплексным генотипом СТ-CC-QQ по этому показателю превосходили своих сверстников, отцы которых имели генотип CC-CG-qq, на 1,9 см<sup>2</sup> (P<0,05), а потомки хряков с генотипами СТ-CG-

Qq и TT-CC-Qq - на 3,7 (P<0,001) и 2 см<sup>2</sup> (P<0,01), соответственно.

**Заключение.** Среди хряков, протестированных на характер полиморфизма гена EPOR, был установлен большой удельный вес гетерозиготных (EPOR<sup>CT</sup>) особей: от 43,3 % (БМП) до 66,7 % (БКБП). В ходе анализа генетической структуры по гену MUC4 было выявлено преобладание животных с желательным сочетанием аллелей (MUC4<sup>CC</sup>): от 60 % – хряков белорусской крупной белой породы до 82,2 % хряков белорусской мясной породы; по гену IGF-2 с гомозиготным проявлением рецессивных аллелей: от 46,4 до 63,4 %, соответственно.

Нами были определены предпочтительные генотипы хряков по генам EPOR, MUC4 и IGF-2, а также их сочетания, позволяющие повысить откормочные и мясные качества получаемого от них потомства.

Таким образом, исходя из полученных результатов можно сделать вывод, что в схемах подбора необходимо учитывать не только генотип матери, но и отца, отдавая предпочтение генотипам EPOR<sup>CT</sup>, MUC4<sup>CC</sup> и IGF-2<sup>QQ</sup>. Это, в свою очередь, позволит повысить не только связанные с генами показатели продуктивности, но и откормочные и мясные качества будущего потомства.

**Литература.** 1. Костюнина, О. В. Ген POU1F1 как потенциальный маркер привесов у свиней / О. В. Костюнина [и др.] // Свиноводство – 2008. – №1 – С.5-7. 2. Лобан, Н. А. Молекулярная генная диагностика при выведении белорусской крупной белой породы свиней / Н. А. Лобан, О. Я. Василюк, А. С. Чернов // Материалы международной научной конференции: «От классических методов генетики и селекции к ДНК-технологиям», Гомель, 2007. – С. 98-99. 3. Эрнст, Л. К. Биологические проблемы животноводства в XXI веке / Л. К. Эрнст, Н. А. Зиновьева. – М.: РАСХН, 2008. – 508 с (с. 279). 4. Jeon, J. T. A paternally expressed QTL affecting skeletal and cardiac muscle mass in pigs maps to the IGF2 locus / J. T. Jeon [et al.] // Nat Genet. – 1999. – Vol. 21. – P. 157-158. 5. Linkage and comparative mapping of the locus controlling susceptibility towards E. coli F4 ab/ac diarrhoea in pigs / C. B. Jorgensen [et al.] // Cytogenet Genome Res. – 2003. – №102. – P.157-162 6. Relationship of growth hormone and insulin-like growth factor-1 genotype with growth and carcass traits in swine / E. Casas-Carillo [et al.] // Anim. Genet. – 1997 a. – Vol. 28. – P. 88-93.

УДК 636.4.082

## ГЕН ЭРИТРОПОЭТИНОВОГО РЕЦЕПТОРА (EPOR) – НОВЫЙ ГЕН-МАРКЕР МНОГОПЛОДИЯ СВИНОМАТОК

Дойлидов В.А., Каспирович Д.А.\*, Лобан Н.А.\*\*, Банникова А.Д.\*\*\*

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

\*\*РУП «Научно-практический центр НАН Беларуси по животноводству»,  
г. Жодино, Минская обл., Республика Беларусь

\*\*\*ГНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт животноводства Россельхозакадемии»,  
пос. Дубровицы, Московская обл., Российская Федерация

Приведены результаты исследований по проведению генетического анализа свиней белорусской крупной белой и белорусской мясной пород на характер полиморфизма гена-рецептора EPOR, положительно влияющего на размер и массу гнезда при рождении.

Results of researches on carrying out of the genetic analysis of pigs of the breeds of selection of Belarus on character of polymorphism of gene-receptor EPOR positively influencing for the size and weight of a jack at a birth are resulted.

**Введение.** Репродуктивные признаки, особенно многоплодие и сохранность поросят, являются одними из наиболее важных экономических показателей в свиноводстве [1]. Свыше 40 последних лет в свиноводстве размеры гнезда пытаются увеличить с помощью селекционных программ с использованием высокопродуктивных линий свиноматок и методов гибридизации. Однако прямая селекция свиней на плодовитость характеризуется малой эффективностью из-за низкой наследуемости признака ( $h^2=0,1-0,3$ ) и ограниченного полом проявления [2, 5].

Благодаря развитию молекулярной биологии стало возможным выявлять индивидуальные гены, контролирующие репродуктивные признаки, определять их полиморфизм и использовать в селекции в качестве маркеров воспроизводства. Так, влияние на размеры гнезда было обнаружено для гена Voogoola у овец, гена эстрогенового рецептора (ESR) и гена пролактинового рецептора у свиней (PRLR) [4, 8].

В настоящее время в лаборатории молекулярной генетики ВИЖ (Россия) освоена методика генетического анализа свиней на характер полиморфизма гена эритропоэтинового рецептора (EPOR), влияющего на многоплодие свиноматок.

В 1906 году французские ученые Carnot и De Flandre первыми высказали предположение о возможном существовании в организме гормонального фактора, контролирующего эритропоэз, и назвали его эритропоэтином (ЕРО). В чистом виде гормон был выделен в 1977 году. Вырабатывается он, главным образом, в почках и в меньшей степени (от 5 до 15%) в печени, а регуляция данного процесса осуществляется м-РНК [3].

Во многих экспериментальных исследованиях было доказано, что ЕРО является мультифункциональным трофическим фактором, имеет различные сайты экспрессии, специфическую тканевую регуляцию и ряд различных механизмов воздействия. Функциональные рецепторы к ЕРО были найдены не только на мембранах клеток красного костного мозга, но и на клетках миелоидного ряда, лимфоцитах, мегакариоцитах, а также на эндотелиальных и гладкомышечных клетках. Кроме того, идентифицированы и другие участки ЕРО продукции, в частности матка и головной мозг. Кроме того, ЕРО является промотором пролиферации эндотелиальных клеток, эмбриональных стволовых клеток печени и гладкой мускулатуры [6].

Продукция гормона генетически детерминирована. Ключевой регулятор созревания и дифференциров-