

Более высоким многоплодием отмечались как проверяемые, так и основные матки БМП, которые превосходили свиноматок КБП соответственно на 2,1 головы ($P > 0,05$) и 0,6 ($P < 0,05$) поросенка. Наименьшее число поросят в помете было у проверяемых свиноматок КБП в среднем по 8,4 головы, что соответствует II-му классу по многоплодию. Однако молочность свиноматок КБП была выше на 1,3 кг ($P > 0,05$), чем у свиноматок БМП. В результате сохранность молодняка и масса гнезда при отъеме у маток КБП оказалась выше на 1,4 кг и 1,5 %, чем у свиноматок БМП при недостоверной разнице. В целом, репродуктивные качества свиноматок двух сравниваемых пород соответствовали I-му классу.

УДК 636.2.082.2 : 636.2.034

ВОЗМОЖНОСТИ ПРИМЕНЕНИЯ ПОЛИМОРФИЗМА БЕЛКОВ МОЛОКА В СЕЛЕКЦИИ КОРОВ

Новокшенов А.А.
УО "Гродненский ГАУ"

Молоко является натуральной пищей новорожденных телят, а также основным компонентом правильного питания человека. В результате многолетней селекции выведены породы коров, способных давать за лактацию более десяти тысяч литров молока. Перспективным направлением разведения молочного скота является селекция, направленная на улучшение химического состава молока (прежде всего на повышение концентрации белка). Белок - это главный компонент, определяющий питательную ценность молока и продуктов его переработки. Благодаря хорошо изученному механизму наследования, взаимосвязь полиморфных вариантов белков молока с молочной продуктивностью коров может быть использована в селекционной работе.

Генетически обусловленный полиморфизм проявляет шесть белковых фракций, которые в сумме составляют более 90% общего содержания белка в молоке. Полиморфизм проявляют два сывороточных белка - альфа-лактоальбумин (LALBA) и бета-лактоглобулин (LGB), и четыре казеиновые фракции (CSN1S1, CSN2, CSN1S2, CSN3). У всех видов крупного рогатого скота открыты серии множественных аллелей, обуславливающих структурную изменчивость белков, а именно: 9 аллелей CSN1S1, 4-CSN1S2, 15-CSN2, 13-CSN3, 3-LALBA и 12-LGB (3). Полиморфизм LALBA выступает исключительно у пород, происходящих от *Bos indicia*.

Система CSNIS2 чаще всего мономорфна. Остальные белки, изменчивость которых обусловлена сериями кодоминирующих аллелей, проявляют у некоторых пород скота ограниченный полиморфизм, проявляющийся максимально двумя вариантами.

У большинства пород молочного скота доминируют аллели CSNISI B и CSN2 A. Низкая фреквенция остальных аллелей, вероятнее всего, вызвана их элиминацией путём натуральной селекции или селекционной работы, предпочитающей экономически важные показатели молочной продуктивности - высокий удой, содержание питательных веществ, технологические свойства молока. Полиморфизм LGB, который ограничивается у коров черно-белой породы двумя аллелями LGB A и LGB B, проявляет постоянную тенденцию увеличения фреквенции аллеля LGB B и резистентных к маститу гомозигот LGB BB (8).

Полиморфизм белков молока является маркером с потенциально большим хозяйственным значением. Наибольшее практическое применение нашли обозначения генотипа CSN3, аллель CSN3 B которого положительно влияет на параметры технологической пригодности молока. Аллель CSN3 B выступает в большинстве популяций молочного скота с очень низкой частотой, которая в результате проводимой селекции проявляет тенденцию к дальнейшему снижению. В настоящее время во многих европейских странах премируется продажа спермы быков, имеющих в генотипе аллель CSN3 B. Второй системой полиморфных белков, представленной как возможный маркер молочной продуктивности, является LGB. Доказано положительное влияние аллеля LGB B на технологические качества молока. Подтверждения требуют информации о существовании зависимости между полиморфизмом LGB и устойчивостью животных к маститу, а также их плодовитостью и жизнестойкостью телят.

Применяемые в настоящее время методы PCR-RFLP и SSCP дают возможность определения генотипа белков молока, невзирая на пол, возраст и физиологическое состояние животных. В последнее время во многих странах введён принцип обязательного обозначения генотипа у быков-производителей. В связи с этим появилась возможность целенаправленного скрещивания, изменяющего генетическую структуру популяции. Использование результатов диагностики полиморфизма белков молока ещё очень мало. Одной из причин является невыясненная зависимость между положительным эффектом технологической пригодности молока и изменениями основных молочных показателей. Полученные результаты неоднозначны, поскольку в некоторых случаях эффекты полиморфизма белков молока проявлялись неаддитивным взаимодействием генов (преимущество гетерозигот) или интеракцией генотипа и негенетических факторов.

Селекция скота, принимающая во внимание генетические варианты белков молока, была предметом многих исследований (1,4). Доказано, что использование полиморфизма белков молока с целью улучшения мо-

лочных показателей в традиционной программе разведения не приносит удовлетворительных эффектов, поскольку преимущество одного генотипа над другим не превышает 3% (4). Генетические варианты белков молока могут найти применение в программе MOET (Multy Ovulation Embrion Transfering) при условии, что известна генетическая информация об обоих полах (1).

Перспективным методическим подходом могут быть пробы сканирования генома и детекции молекулярных маркеров, связанных с количественными признаками (QTL), с дальнейшим использованием открытых зависимостей в программе MAS (Marker Assisted Selection). О пользе, вытекающей из применения метода GDD (granddaughter desing), свидетельствуют результаты исследований, которые позволили определить генотипы коров при использовании 277 микросателлитных маркеров, расположенных на всех хромосомах. Генетическая ценность животных была определена для 27 количественных показателей молочной продуктивности, плодовитости и устойчивости к заболеваниям (7).

Исследования проведённые на популяции коров породы голштиннофризов, согласно с моделью GDD выявили QTL для продукции молока, жира и белка на хромосомах 20 и 26, а также QTL для процента белка и жира на 3 хромосоме. Достоверная связь с генетической ценностью перечисленных показателей колебалась в границах от 438 до 658 кг молока, 7,4 - 24,9 кг жира, 13- 17 кг белка, 0,04--0,17% жира и 0,07-0,10% белка (6).

Новым методическим подходом является процедура "selective DNA pooling". Этот метод может быть успешно применен при определении аллелей STRs (Short Tandem Repeats), которые являются маркерами в рамках альтернативных высоких и низких количественных показателей фенотипической изменчивости и позволяет на значительную редукцию тестируемых особей (на два порядка) необходимых для получения статистически достоверных возможностей выявления маркеров (2). В процедуре "selective DNA pooling", потомство группируется на основе оценки фенотипа, а не генотипа маркера, а оценка позиции определяется путём верификации разницы частот аллелей при обоих боковых маркерах. Тем самым, этот метод даёт возможность анализа суммы генотипов QTL, что особенно важно при большой популяции животных, в которой оценивается связь Q IL с умеренным или низким фенотипическим эффектом.

В популяциях сельскохозяйственных животных метод "selective DNA pooling" был применён для идентификации генов белков молока (5). Проведённое сканирование генома крупного рогатого скота для содержания белка в проекте, учитывающем фенотипы дочерей, с использованием критерия исправленной степени ошибочной реестрации. С его помощью выявлен средний эффект субституции потенциального аллеля на уровне 0,016 (0,009-0,028), оцененного в единицах стандартного отклонения сигмы отца (EBVP%), а также суммы эффектов 0.046 EBVP%. Выполненные исследования позволяют прогнозировать повышения содержания белка в

популяции крупного рогатого скота породы Israeli-Holstein на 1%, что даёт рост на 1/3 по сравнению со средней, равной 3%.

Кроме возможности сканирования генома, метод "selective DNA pooling" может быть использован для сравнения эффективного размера популяции, необходимого для определения маркера через генотипирование всей популяции, выборочное генотипирование и выборочное суммирование эффектов ДНК. Когда маркеры QTL выступают в равновесии сцепления, можно обозначить специфические реляции сцепления между аллелями QTL для любого отца. Метод "selective DNA pooling" может также использоваться для детальной идентификации QTLs из-за большой статистической силы, содержащейся в крупных группах полусибсов. Более того, этот метод применим для идентификации генов кандидатов (candidate gens) путём синтонии гённых карт человека, мыши и крупного рогатого скота (9).

На основе представленной информации нужно считать, что связь генетических вариантов белков молока с молочной продуктивностью коров это не простая функция, зависящая исключительно от фреквенции выбранных аллелей этих белков, а результат действия многих генетических и негенетических факторов, а также интеракции между ними и внутри их.

Улучшения качества молока можно достичь благодаря генной инженерии путём трансфера соответствующих генов. Можно также ускорить процесс созревания сыра, вводя в генотип соответственно модифицированные гены альфа-казеин. Принимается во внимание также возможность увеличения казеиновых белков путём модификации числа генов, ответственных за синтез этих белков, а также контроль районов их действия в молочной железе (10).

ЛИТЕРАТУРА. 1. Bovenhuis, H., De Boer, I.J.M. 1994. The potential contribution of milk protein loci to improvement of dairy cattle. Proceeding of the 5 World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Guelph, August 7-32. 19: 311-3 18. 2. Darvasi, A., Soller, M. 1994. Selective DNA pooling for determination of linkage between a molecular marker and a quantitative traits locus. Genetics 138 (4): 1365-1373. 3. Fonniiggioni- P.- Summer, A., Malacarne, M., Mariani, P. 1999. Milk protein polymorfism: detection and diffusion of the genetic variants in Bos genes. Annali Fac. Med. Vet., Univ. Parma 19: 127-1 65. 4. Gibson, J.P., Jansen, G.B., Rozzi, P. 1990. The use of casein genotypes in dairy cattle breeding. Proceeding of the 4 World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Edinburgh, July 23-27. XIV: 163-166. 5. Mosig, M.O., Lipkin, E., Kiihiroesкая, G., Tchurzyna, E., Soller, M., Friedman. A. 2001. A whole genome scan for Quantitative Traits Loci affecting milk protein percentage in Israeli-Holstein cattle by means of selective milk DNA pooling in a daughters dosing, using an adjusted false discovery rate criterion. Genet. 157: 1993-1998. 6. Plante, Y., Gibson, J.P., Nadesaiingam, J., Mehra-bani-Yeganeh, H., Lefebvre, S., Vandervoorl, G.- Jansen, G.B. 2001. Detection of quantitative traits locus affecting milk production traits on 10 chromosomes

in Holstein cattle. J. Dairy Sci. 84: 1516-1524. 7. Schrooten, C., Bovenhuis, H., Cooppieters, W., Van Arendonk, J.A.M. 2000. Whole genome scan to detect Quantitative Trait Loci for conformation and functional traits in dairy cattle. J. Dairy Sci. 83: 795-806. 8. Walawski, K., Kaminski, S., Czarnik, U., Zabolewicz, T. 1999. Dynamic changes in the genetic structure of beta-lactoglobulin (LGB) polymorphic system and its possible association with mastitis resistance in Black-and-White cattle. Archiv. Anim. Breed. (special issue) 178-180. 9. Womack, J.E., Kata, S. 1995. Bovine genome mapping evolutionary inheritance and the power of comparative genomics. Curr. Opin. Genet. Dev. 5: 725-733. 10. Zwiernicki, L. 1998. Structure, expression and engineering of milk protein genes. Biotechnologia - 2 14.

УДК 636. 22. 28.082

ВЛИЯНИЕ ПРОДУКТИВНОСТИ СТАД НА ТОЧНОСТЬ ОЦЕНКИ БЫКОВ-ПРОИЗВОДИТЕЛЕЙ ЧЕРНО-ПЕСТРОГО СКОТА ПО КАЧЕСТВУ ПОТОМСТВА

Пилько В.В., Селезнева Н.В.
УО «Витебская ордена «Знак Почета» государственная академия
ветеринарной медицины»

При внедрении крупномасштабной селекции в молочном скотоводстве огромную роль играет точность оценки быков-производителей по качеству потомства. Эта точность во многом определяется условиями хозяйств, в которых эта оценка производится. Известно, что в настоящее время рекомендовано производить эту работу в хозяйствах с удоем на корову в год не менее 3000 кг. Однако известно и то, что имеется масса хозяйств с удоем до 3-х тыс. кг на корову в год и при этом оценка и закрепление быков-производителей за хозяйствами никак не дифференцируется.

В связи с этим целью работы было сравнить ранги распределения одних и тех же быков-производителей оцененных по потомству в одних и тех же хозяйствах, разделенных на две группы по величине удоя на корову в год.

Работа выполнялась в шести хозяйствах Лиозненского района Витебской области. В 2002 году в них были оценены по потомству (по первотелкам) в соответствии с инструкцией по получению, выращиванию, проверке и оценке быков по качеству потомства (Минск, 1988) три быка производителя. Быки-производители Колокол 1051, Атлет 2040 и Тагор