

ISSN 1561-8323 (print)

**АГРАРНЫЕ НАУКИ**  
*AGRARIAN SCIENCES*

УДК 636.4.082.13

Поступило в редакцию 18.01.2017

Received 18.01.2017

**Р. И. Шейко**

*Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству,  
Жодино, Республика Беларусь*

**ПОВЫШЕНИЕ ПРОДУКТИВНЫХ КАЧЕСТВ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ  
ЖИВОТНЫХ НА ОСНОВЕ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ  
БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКИХ ПРИЕМОМ И МЕТОДОВ**

*(Представлено академиком И. П. Шейко)*

**Аннотация.** Дальнейшее повышение эффективности технологии производства продукции животноводства невозможно без комплексного использования современных методов генетики в системе разведения и технологических решений. Селекция по генотипу, предполагающая определение генов, напрямую или косвенно связанных с хозяйственно полезными признаками (маркерная селекция), имеет ряд преимуществ перед традиционной селекцией. Она делает возможным оценку животных в раннем возрасте, не учитывает изменчивость признаков, обусловленную внешней средой, и в результате повышает эффективность селекционной работы. Поиск, научное и экспериментальное обоснование целесообразности использования молекулярно-генетических маркеров признаков продуктивности животных является актуальной задачей современной зоотехнической науки.

**Ключевые слова:** селекция, генотип, ДНК-маркеры, свиньи, крупный рогатый скот, интенсификация животноводства

**Для цитирования:** Шейко, Р. И. Повышение продуктивных качеств сельскохозяйственных животных на основе использования биотехнологических приемов и методов / Р. И. Шейко // Докл. Нац. акад. наук Беларуси. – 2017. – Т. 61, № 4. – С. 119–128.

**Ruslan I. Sheyko**

*Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus for Animal Husbandry,  
Zhodino, Republic of Belarus*

**INCREASE OF PRODUCTIVE QUALITIES OF AGRICULTURAL ANIMALS USING  
BIOTECHNOLOGICAL TECHNIQUES AND METHODS**

*(Communicated by Academician Ivan P. Sheyko)*

**Abstract.** A further increase of the technology efficiency for livestock produce cannot be ensured with no complex application of modern genetics methods in the breeding system and technological solutions. A genotype selection (breeding), assuming the determination of genes directly or indirectly related to economic traits (marker selection) has a number of advantages compared to a traditional selection. It makes it possible to evaluate animals of tender age, does not consider traits variability due to environment conditions, and as a result increases the efficiency of selection. The search, research and experimental substantiation of using the molecular and genetic markers of animals' performance traits are sore issues of the modern animal science.

**Keywords:** selection (breeding), genotype, DNA markers, pigs, cattle, intensification of animal husbandry

**For citation:** Sheyko R. I. Increase of productive qualities of agricultural animals on the basis of use of biotechnological techniques and methods. *Doklady Natsional'noi akademii nauk Belarusi = Doklady of the National Academy of Sciences of Belarus*, 2017, vol. 61, no. 4, pp. 119–128 (in Russian).

**Введение.** В последние десятилетия значительно изменилось направление и ускорились темпы микроэволюционных процессов в популяциях сельскохозяйственных животных, особенно в связи с интенсификацией селекционной работы, направленной на выведение и совершенствование

ние пород, отвечающих экономическим, промышленным и эстетическим требованиям человека. Достижение поставленных задач не возможно без разработки и внедрения новых биотехнологических методов, таких как клеточные репродуктивные технологии, маркер-зависимая селекция, генная и клеточная инженерия [1–4].

Известно, что на признаки продуктивности животных оказывают влияние генетические и негенетические (фенотипические) факторы. При традиционной селекции по фенотипическому проявлению признаков их истинный генетический потенциал может быть занижен или необъективно оценен. Селекция по генотипу, предполагающая определение генов, напрямую или косвенно связанных с хозяйственно полезными признаками (маркерная селекция), имеет ряд преимуществ перед традиционной селекцией. Она делает возможным оценку животных в раннем возрасте, не учитывает изменчивость признаков, обусловленную внешней средой, и в результате повышает эффективность селекционной работы. Поиск, научное и экспериментальное обоснование целесообразности использования молекулярно-генетических маркеров признаков продуктивности животных является актуальной задачей современной зоотехнической науки [5–9].

В 2013 г. исполнилось 60 лет с момента открытия Уотсоном и Криком двойной спирали, что явилось крупнейшим мировым достижением в биологии и послужило основой для развития новой науки – молекулярной генетики. В последующие годы началось ускорение и расширение исследований по данной проблеме.

Однако К. Вендер, сыгравший решающую роль в расшифровке генома человека, считает ошибочным мнение о том, что все свойства индивидуума определяются только геномом. Он доказал, что не только генотип управляет фенотипом, но и фенотип совершенно определенно воздействует на генотип, определяя его специфику и активность.

В настоящее время стоит задача выявить все эти взаимоотношения на клеточном уровне. Особенно сложные взаимоотношения генотипа и фенотипа у высших животных, к числу которых относятся большинство сельскохозяйственных животных.

Поиск, научное и экспериментальное обоснование целесообразности использования молекулярно-генетических маркеров признаков продуктивности животных является актуальной задачей современной зоотехнической науки.

**Материалы и методы исследований.** Исследования выполнялись в базовых хозяйствах по разведению племенных свиней и крупного рогатого скота.

Предмет исследований – контроль за созреванием и оплодотворением ооцитов вне организма и дальнейшее культивирование зигот, маркер-зависимая селекция на определение хозяйственно полезных признаков.

**Результаты и их обсуждение.** Развитие биотехнологических методов размножения позволяет с большей эффективностью использовать репродуктивный и генетический потенциал высокоценных животных, что особенно актуально в скотоводстве в связи с его низкой плодовитостью и продолжительным интервалом между поколениями. В связи с интенсификацией ведения молочного скотоводства в хозяйствах республики резко снижается фертильность (оплодотворяемость) коров из-за их преждевременной выбраковки по разным технологическим причинам, главной из которых является нарушение репродуктивных качеств животных. Гормональное стимулирование полиовуляции не только не позволяет в полной мере использовать репродуктивный потенциал коров, но и вызывает физиологические нарушения, связанные с переизбыточным содержанием гормонов в крови животных. Решение данной проблемы возможно путем созревания и оплодотворения ооцитов вне организма и дальнейшего культивирования полученных таким образом зигот. В республике разработана технология ускоренного размножения племенных животных на основе оплодотворения яйцеклеток крупного рогатого скота *in vitro*, позволяющая получать до 40 % биологически полноценных эмбрионов на стадии развития морулы – бластоциста с приживляемостью после трансплантации 46,2 %, что существенно повышает возможности для сохранения и ускоренного размножения выдающихся животных, многократно увеличивает интенсивность использования репродуктивного потенциала самок. Предлагаемая технология сочетает в себе культивирование ооцитов, полученных из яичников коров, оплодотворение их вне организма и трансплантацию полученных таким образом эмбрионов реципиентам. Результативность созревания эмбрионов,

полученных после оплодотворения вне организма, определяется по уровню выхода пригодных к пересадке зародышей. По окончании культивирования эмбрионы пересаживаются реципиентам или используются для проведения научных исследований. После пересадки эмбрионов ведется контроль за проявлением охоты у реципиентов. Через 2–3 месяца после пересадки животных исследуют на стельность методом ректальной пальпации.

Одним из основных методов, широко используемых селекционерами практически во всех странах мира, является маркер-зависимая селекция (MAS – marker assistant selection), связанная с использованием генов (ДНК-маркеров), влияющих на определенные хозяйственно полезные признаки животных. Маркер-зависимая селекция имеет ряд преимуществ перед традиционными методами селекции. Она не учитывает изменчивость признаков, обусловленную внешней средой. ДНК-тестирование позволяет определить генотип животного независимо от пола, возраста и физического состояния особи, что является важными факторами в селекционной работе. Селекция по генотипу, с одной стороны, делает возможным отбор на сохранение желательных аллелей в популяции, связанных с хозяйственно полезными признаками животных, а с другой стороны – обеспечивает выявление и выбраковку скрытых носителей того или иного полиморфного варианта гена, что позволяет избавиться от нежелательного аллеля в популяции за одно поколение. Если при проведении селекционных мероприятий классическими методами для изменения и закрепления определенного признака требуется не менее 10 лет, то при использовании ДНК-маркеров можно только за одно поколение животных достигнуть увеличения продуктивности до 20 % и при этом устранить негативное влияние генетического груза, вызванное интенсивной селекцией на повышение продуктивности животных. Кроме того, микросателлитные маркеры используют для целого ряда исследований, таких как характеристика генетической структуры популяций, ее динамика во времени, изменчивости, степени инбредности, гетерозиготности, оценке генетических расстояний между линиями, популяциями и породами животных и др.

Молекулярно-генетические подходы незаменимы при выявлении ряда рецессивных наследственных заболеваний и диагностике инфекций. Диагностика инфекционных агентов основывается на выявлении и идентификации генетического материала (ДНК, РНК) возбудителя в организме животного или выявления источника инфекции в окружающей среде (вода, корм и др.).

Учеными нашего центра проанализирована генетическая структура племенного поголовья коров белорусской черно-пестрой породы в хозяйствах с различным уровнем селекционно-племенной работы и продуктивности по локусу гена CSN3. Во всех стадах выявлено преобладание животных с гомозиготным генотипом CSN3<sup>AA</sup> (64,0–76,7 %) и низким (в среднем 2,0 %) процентом встречаемости животных с генотипом CSN3<sup>BB</sup>. Установлено положительное влияние наличия аллеля CSN3<sup>B</sup> в генотипе животных на содержание белка в молоке. На основе результатов ДНК-тестирования быков-производителей, используемых госплемпредприятиями республики, и анализа показателей молочной продуктивности их матерей с различными генотипами по локусу гена CSN3 проведен отбор быков новых генераций, что дает возможность вести селекционно-племенную работу в республике на повышение содержания белка в молоке, формировать стада с улучшенными технологическими свойствами молока, пригодного для получения высококачественных сыров и других белково-молочных продуктов, и исключить импорт животных, не отвечающих селекционным требованиям, также прогнозировать повышение белкомолочности на 5–10 %.

Проведенная производственная проверка разработанного метода подтвердила эффективность его применения в практической селекции. Экономический эффект, полученный за счет реализации дополнительной продукции от групп коров желательных генотипов, составил в среднем 203,7–377,2 тыс. рублей в расчете на одну голову.

Разработан и внедрен в селекционный процесс метод ДНК-диагностики синдрома иммунодефицита крупного рогатого скота (по локусу гена BLAD) с целью исключения импорта быков-носителей генетически обусловленной мутации, обеспечения ввода в племенные стада здоровых животных и решения проблемы повышения резистентности племенного поголовья и сохранности молодняка, создания резистентных к данному заболеванию стад. Анализ генетической структуры быков-производителей всех госплемпредприятий республики по локусу гена BLAD выявил, что 2,2 % всех животных явились носителями синдрома иммунодефицита. Частота встречаемости данной мутации по отдельным госплемпредприятиям варьировала в пределах 0–5,6 %.

Проведен отбор ремонтных быков и определено направление их использования в селекционном процессе с учетом результатов ДНК-тестирования по локусу гена BLAD. Не выявлено отрицательного влияния наличия мутации в гене BLAD на воспроизводительные качества и показатели спермопродукции быков-производителей, а также на молочную продуктивность их дочерей.

Создан банк ДНК племенного поголовья крупного рогатого скота республики, содержащего к настоящему времени более 3000 образцов ДНК племенных коров и 998 – быков-производителей.

Разработанный метод ДНК-диагностики BLAD-синдрома крупного рогатого скота является быстрым, надежным и эффективным средством для полного контроля над мутацией.

Использование полиморфизма генов также играет важную роль в повышении эффективности селекционного процесса, направленного на увеличение продуктивности свиней. Для селекции свиней по мясным качествам представляет интерес изучение полиморфизма по гену гормона роста (GH), генов семейства MYOD, связанных с приростом и качеством мяса, лептина и рецептора лептина (LEP и LEPR) и др. С репродуктивными признаками у свиней связаны гены эстрогенового рецептора (ESR), бета-субъединицы фолликулостимулирующего гормона (FSHB), I и II подсемейств цитохрома H450 (CYP 19, CYP 21). В свиноводстве представляет также интерес выявление животных, несущих рецепторы к антигенам *E. coli*, а также RYR-1 и H-FABP.

При традиционной селекции, основанной на оценке животных по фенотипу, его качественным и количественным признакам, их истинный генетический потенциал может быть занижен или необъективно оценен. На качество оценки оказывают негативное влияние факторы среды, она сложна и продолжительна. Положительное или отрицательное взаимодействие факторов генотип–среда ускоряет или замедляет селекционный процесс и определяет его эффективность. В настоящее время в связи с развитием молекулярной генетики появилась возможность идентификации генов, напрямую или косвенно связанных с хозяйственно полезными признаками (геномный анализ).

При исследовании гена RYR-1 на белорусских породах свиней была выявлена положительная корреляция между селекцией свиней на мясность и низкими адаптационными качествами. Эта взаимосвязь проявляется в том, что животные с высокой мясностью характеризуются повышенной чувствительностью к стрессам, а следовательно, и низкой адаптационной способностью к условиям промышленной технологии производства свинины.

При исследовании ядерной ДНК свиней различных пород был изучен полиморфизм гена RYR-1, представленный двумя аллелями: RYR-1<sup>N</sup> – без мутаций и RYR-1<sup>n</sup> – с точечной мутацией. Затем идентифицированы генотипы: RYR-1<sup>NN</sup> – свободные от мутации (устойчивые к стрессу), RYR-1<sup>Nn</sup> – носители мутации и RYR-1<sup>nn</sup> – стрессочувствительные.

Анализ ДНК по локусу гена RYR-1 у свиней различных пород позволил выявить значительные отличия частот встречаемости мутантного аллеля (табл. 1).

Т а б л и ц а 1. Генетическая структура популяций свиней различных пород по локусу гена RYR-1<sup>n</sup>

Table 1. Genetic structure of different-breed pig populations according to the locus of the gene RYR-1<sup>n</sup>

Порода Breed	n	Частота встречаемости генотипов, % Frequency of occurrence of genotypes, %			Частота аллелей Frequency of alleles	
		NN	Nn	nn	N	n
КБ	787	94	6,0	–	0,969	0,031
БМ	896	79	20,5	0,5	0,897	0,103
БЧП	48	74	26,0	–	0,852	0,148
Д	104	96	4,0	–	0,983	0,017
П	13	46	54,0	–	0,729	0,271

П р и м е ч а н и е: КБ – крупная белая порода, БМ – белорусская мясная, БЧП – белорусская черно-пестрая, Д – дюрок, П – пьетрен.

N o t e: КБ – large white breed, БМ – Belarusian beef breed, БЧП – Belarusian black-mottled breed, Д – Duroc breed, П – Pietrin breed.

Полученные результаты свидетельствуют о значительной изменчивости частоты встречаемости генотипов NN, Nn и nn у различных пород. Так, у животных крупной белой породы из 787 протестированных голов 94 % были свободны от мутаций (устойчивые к стрессам) и только 6 % особей этой породы являлись носителями мутации. Примерно такая же ситуация наблюдалась и в породе дюрок. Из 104 голов протестированных 96 % животных оказались свободными от мутаций (имели генотип NN), 4 % особей являлись носителями мутации Nn. У животных белорусской мясной и черно-пестрой пород 74–79 % особей также были свободны от мутаций, 20,5–26,0 % имели генотип RYR-1<sup>Nn</sup> (носители мутаций) и 0,5 % поголовья белорусской мясной породы оказалось предрасположенным к стрессам.

Худшее положение оказалось в породе пьетрен. Только 46 % (6 голов) из 13 протестированных оказались чистыми от носительства мутантного гена (n), 54 % (7 голов) являлись носителями мутантного гена RYR-1<sup>Nn</sup>.

Различная интенсивность селекционных процессов, направленных на увеличение мясности туш и уменьшение толщины шпика, а также «прилитие крови» генофонда свиней зарубежной селекции белорусским породам (белорусской мясной и белорусской черно-пестрой) объясняет изменчивость частот встречаемости мутантного аллеля RYR-1<sup>Nn</sup> и RYR-1<sup>nn</sup> и свидетельствует о сложности прогнозирования его уровня. Это указывает на необходимость обязательного генетического контроля всего племенного и импортируемого поголовья (пьетрен, ландрас и др.) на наличие мутаций в гене RYR-1 [10–16].

В странах с развитым свиноводством одним из наиболее часто используемых в селекционной практике геном, влияющим на репродуктивные признаки, является ген эстрогенового рецептора (ESR). Основываясь на выявленных ассоциациях, авторы многих работ рекомендуют использовать ген ESR в качестве генетического маркера для повышения многоплодия маток, учитывая породную принадлежность животных.

Для установления взаимосвязи полиморфизма гена ESR с воспроизводительной функцией свиней и выявления возможности использования данного гена в качестве генетического маркера в селекции на повышение репродуктивной функции маток проведены исследования, направленные на изучение генетической структуры различных пород свиней в селекционно-гибридном центре «Заднепровский». В результате ДНК-тестирования свиноматок крупной белой и белорусской мясной пород был выявлен полиморфизм гена ESR, представленный двумя аллелями ESR<sup>A</sup> и ESR<sup>B</sup>. У свиней пород дюрок аллель ESR<sup>B</sup> отсутствовал (табл. 2).

Таблица 2. Частота встречаемости аллелей гена ESR у свиней различных пород  
Table 2. Frequency of occurrence of alleles of the gene ESR of different-breed pigs

Порода Breed	n	Частота встречаемости аллелей Frequency of occurrence of alleles	
		ESR <sup>A</sup>	ESR <sup>B</sup>
КБ	406	0,540	0,460
БМ	537	0,730	0,230
Д	83	1,0	–

При изучении генетической структуры популяций свиноматок имеющих различных пород были установлены значительные различия между ними по частоте встречаемости аллеля ESR<sup>B</sup>.

Наиболее высокой частотой данного аллеля характеризовалась популяция крупной белой породы – 0,460. У свиноматок белорусской мясной породы концентрация аллеля ESR<sup>B</sup> составляла 0,230, что в два раза ниже, чем у крупной белой породы.

При тестировании маток породы дюрок полиморфизм гена ESR не выявлен. Все особи были гомозиготные по аллелю ESR<sup>A</sup>. Это согласуется с данными ряда исследователей и свидетельствует о том, что порода дюрок мономорфна по гену ESR аллеля ESR<sup>B</sup>. В связи с указанным, по мнению В. А. Адаменко [1], ген ESR не может быть использован в качестве молекулярно-генетического маркера плодовитости у свиней породы дюрок.

Наблюдаемые межпородные различия по концентрации аллелей гена ESR являются следствием различного направления продуктивности пород. Это соответствует результатам, полученным рядом ученых, согласно которым большинство мясных пород свиней характеризуются относительно низкой частотой встречаемости аллеля ESR<sup>B</sup> [17]<sup>1</sup>.

Кроме того, нами изучены ассоциация полиморфизма гена PRLR с репродуктивными признаками свиноматок нового заводского типа «Березинский» в белорусской мясной породе в СГЦ «Заднепровский». В исследованиях выявлено положительное влияние аллеля PRLR<sup>A</sup> на ряд репродуктивных признаков (табл. 3).

Т а б л и ц а 3. Продуктивность свиноматок нового заводского типа в белорусской мясной породе в зависимости от генотипа по гену PRLR

Table 3. Productivity of sows of a new factory type in the Belarusian beef breed depending on the genotype according to the gene PRLR

Показатель Index	Генотип PRLR (n = 426) Genotypes PRLR (n = 426)		
	AA	AB	BB
Количество голов	92	221	113
Количество опоросов на одну свиноматку	2,5 ± 0,2	2,6 ± 0,15	2,8 ± 0,17
Количество опоросов, всего	230	575	316
Родилось поросят всего, гол.	12,6 ± 0,82*	11,7 ± 0,27**	10,7 ± 0,27
В том числе живых, гол.	12,0 ± 0,23***	11,0 ± 0,18*	10,5 ± 0,20
Масса гнезда при рождении, кг	17,1 ± 0,41	16,8 ± 0,28	16,5 ± 0,42
Количество поросят в 21 день, гол.	9,8 ± 0,25	9,5 ± 0,14	9,4 ± 0,22
Молочность, кг	55,5 ± 1,59	55,8 ± 0,84	53,4 ± 1,36
Количество поросят при отъеме, гол.	9,5 ± 0,14	9,5 ± 0,14	9,2 ± 0,22
Масса гнезда при отъеме в 35 дней, кг	99,2 ± 2,30	94,1 ± 2,34	94,3 ± 2,80
Сохранность поросят, %	75,2 ± 1,14	80,4 ± 4,06	81,9 ± 2,14
Аварийные опоросы, %	10,1 ± 2,91	12,1 ± 1,85	17,5 ± 2,72

П р и м е ч а н и я: Разница между показателями генотипов PRLR<sup>AA</sup> и PRLR<sup>BB</sup> достоверна при: \* –  $p \leq 0,05$ ; \*\*\* –  $p \leq 0,001$ ; разница между показателями генотипов PRLR<sup>AA</sup> и PRLR<sup>AB</sup> достоверна при: \*\* –  $p \leq 0,01$ ; разница между показателями генотипов PRLR<sup>AB</sup> и PRLR<sup>BB</sup> достоверна при: \* –  $p \leq 0,05$ ; \*\* –  $p \leq 0,01$ .

Note: A difference between the indices of the genotypes PRLR<sup>AA</sup> and PRLR<sup>BB</sup> is true at: \* –  $p \leq 0.05$ ; \*\*\* –  $p \leq 0.001$ ; a difference between the indices of the genotypes PRLR<sup>AA</sup> and PRLR<sup>AB</sup> is true at: \*\* –  $p \leq 0.01$ ; a difference between the indices of the genotypes PRLR<sup>AB</sup> and PRLR<sup>BB</sup> is true at: \* –  $p \leq 0.05$ ; \*\* –  $p \leq 0.01$ .

Установлено, что свиноматки с гомозиготным генотипом PRLR<sup>AA</sup> превосходили маток с генотипом PRLR<sup>BB</sup> по количеству родившихся поросят на 1,9 поросенка, или 18 % ( $p < 0,05$ ), в том числе живых – на 1,5 поросенка, или 14 % ( $p < 0,001$ ), и количеству поросят при отъеме – на 0,3 поросенка, или 3,4 %. Также наблюдалась тенденция положительного влияния предпочтительного генотипа PRLR<sup>AA</sup> на массу гнезда при рождении на 0,6 кг, или 3,6 %, в 21 день на 2 кг, или 3,7 % и при отъеме – на 4,9 кг, или 5,2 %, и снижение процента аварийных опоросов на 7,4 %. Однако сохранность поросят у маток генотипа PRLR<sup>AA</sup> оказалась ниже, что явилось результатом технологической подсадки поросят в гнезда маток генотипа PRLR<sup>AB</sup> и PRLR<sup>BB</sup>, характеризующихся более низким многоплодием [18].

Следовательно, для улучшения репродуктивных признаков рекомендуется использовать свиноматок белорусской мясной породы генотипа PRLR<sup>AA</sup>, характеризующихся лучшими показателями многоплодия.

В результате изучения генетической структуры различных популяций свиней заводского типа белорусской мясной породы выявлено, что частота встречаемости генотипа H-FABP<sup>HH</sup> в популяции свиней из РСУП СГЦ «Заднепровский» изменялась в зависимости от половозрастной

<sup>1</sup> Способ определения и прогнозирования хозяйственно-полезных качеств свиней: заявка № 20010498. Респ. Беларусь, А 01 К / И. П. Шейко, Т. И. Епишко, А. Н. Епишко; заяв.: РУП «Институт животноводства НАН Беларуси»; заявл. 12.07.2001; опубл. 30.03.2002 // Официальный бюлл. – 2002. – № 4. – С. 6.

группы животных от 73,3 (свиноматки) до 82,0 % (хряки-производители), с концентрацией аллеля H-FABP<sup>H</sup> – 0,86–0,91 (табл. 4).

Т а б л и ц а 4. Генетическая структура по гену H-FABP, аллельной системе H различных популяций и половозрастных групп свиней заводского типа в белорусской мясной породе

Table 4. Genetic structure according to the gene H-FABP, the allele system H of different populations and age-gender groups of factory-type pigs in the Belarusian beef breed

Хозяйство Farm	Половозрастная группа Age-gender group	n	Частота встречаемости Frequency of occurrence				
			генотипов, % of genotypes, %			аллелей of alleles	
			HH	Hh	hh	H	h
СГЦ «Заднепровский»	свиноматки	75	73,3	25,3	1,3	0,86	0,14
	хряки-производители	50	82,0	18,0	–	0,91	0,09
	ремонтные хрячки	23	73,9	26,1	–	0,74	0,26
	откормочный молодняк	10	80,0	20,0	–	0,90	0,10
СГЦ «Западный»	хряки-производители	15	46,7	53,3	–	0,73	0,27
ЗАО «Клевица»	откормочный молодняк	55	67,3	30,9	1,8	0,83	0,17
В среднем по породе:		228	70,5	28,9	1,6	0,83	0,17

В ЗАО «Клевица» у откормочного молодняка концентрация генотипа H-FABP и аллеля H-FABP<sup>H</sup> варьировала от 67,3 % до 0,83. Встречаемость животных с гетерозиготным генотипом H-FABP<sup>Hh</sup> в популяциях хряков-производителей варьировала от 18,0 (РСУП СГЦ «Заднепровский») до 53,3 % (РУСП СГЦ «Западный»), концентрация аллеля H-FABP<sup>H</sup> от 0,91 до 0,73 % соответственно, что свидетельствует о различной интенсивности селекционных процессов в данной популяции, направленных на увеличение мясной продуктивности животных. В среднем по заводскому типу в белорусской мясной породе концентрация генотипа H-FABP<sup>HH</sup> составила 70,5 %, аллеля H-FABP<sup>H</sup> – 0,83.

Наибольшая концентрация генотипа H-FABP<sup>dd</sup> и аллеля H-FABP<sup>d</sup> выявлена у хряков-производителей из РСУП СГЦ «Заднепровский» – 58,0% и 0,72 соответственно (табл. 5).

Т а б л и ц а 5. Генетическая структура по гену H-FABP, аллельной системе D различных популяций и половозрастных групп свиней заводского типа в белорусской мясной породе

Table 5. Genetic structure according to the gene H-FABP, the allele system D of different populations and age-gender groups of factory-type pigs in the Belarusian beef breed

Хозяйство Farm	Половозрастная группа Age-gender group	n	Частота встречаемости Frequency of occurrence				
			генотипов, % of genotypes, %			аллелей of alleles	
			DD	Dd	dd	D	d
СГЦ «Заднепровский»	свиноматки	75	13,2	36,8	50,0	0,32	0,68
	хряки-производители	50	14,0	28,0	58,0	0,28	0,72
	ремонтные хрячки	23	13,0	34,8	52,2	0,30	0,70
	откормочный молодняк	10	–	60,0	40,0	0,30	0,70
СГЦ «Западный»	хряки-производители	15	6,7	60,0	33,3	0,37	0,63
ЗАО «Клевица»	откормочный молодняк	55	9,1	47,3	43,6	0,33	0,67
В среднем по породе:		228	11,5	42,4	46,1	0,32	0,68

Установлено, что встречаемость животных с гетерозиготным генотипом H-FABP<sup>Dd</sup> разных половозрастных групп популяции свиней из РСУП СГЦ «Заднепровский» варьировала от 28,0 (хряки-производители) до 60,0 % (откормочный молодняк). В среднем по типу частота встречаемости генотипа H-FABP<sup>dd</sup> и аллеля H-FABP<sup>d</sup> составила 46,2 % и 0,68 соответственно [19–21].

**Заключение.** В результате проведенных исследований изучен полиморфизм генов CSN3, влияющих на содержание белка в молоке, BLAD-носителя синдрома иммунодефицита крупного рогатого скота, RYR-1, ESR, PRLR и H-FABP у разводимых пород свиней в Беларуси, ассоциированных с чувствительностью к стрессам, а также репродуктивными, откормочными и мясными качествами. В гене RYR-1 диагностировано два аллеля: RYR-1<sup>N</sup> – без мутации и RYR-1<sup>n</sup> – с точечной мутацией. Идентифицированы генотипы RYR-1<sup>NN</sup> свободные от мутаций (устойчивые к стрессу), RYR-1<sup>Nn</sup> – носители злокачественной гипертермии, RYR-1<sup>nn</sup> – чувствительные к стрессу. В гене ESR диагностированы аллели ESR<sup>A</sup> и ESR<sup>B</sup>, отвечающие за репродуктивные, откормочные и мясные качества. По ДНК-маркеру PRLR установлено положительное влияние генотипа PRLR<sup>AA</sup> на продуктивность свиноматок белорусской мясной породы, выразившееся в увеличении количества рожденных поросят на 11,8 %, в том числе живых на 14 %, в сравнении с генотипом PRLR<sup>BB</sup>, по гену H-FABP<sup>HH</sup> выявлена тенденция снижения толщины шпика на 6,7–7,5 % ( $p \leq 0,05$ ,  $p \leq 0,01$ ).

На основе выявленных закономерностей взаимосвязи полиморфизма изученных генов предложены генетические маркеры для селекции крупного рогатого скота и свиней на повышение продуктивных качеств и здоровье сельскохозяйственных животных. Использование данных маркеров в селекции позволит проводить ДНК-тестирование племенных животных и ремонтного молодняка в раннем возрасте независимо от пола.

### Список используемых источников

1. Шейко, И. П. Концепция развития животноводства Беларуси / И. П. Шейко, Р. И. Шейко // *Фундаментальные и прикладные проблемы повышения продуктивности животных и конкурентоспособности продукции животноводства в современных экономических условиях АПК РФ: Материалы Междунар. науч.-практ. конф.* – Ульяновск: Ульяновская ГСХА им. П. А. Столыпина, 2015. – Т. 1. – С. 28–32.
2. Шейко, И. П. Генетические методы интенсификации селекционного процесса в свиноводстве / И. П. Шейко, Т. И. Епишко. – Жодино, 2006. – 197 с.
3. Analysis of relationship between polymorphism in the ryanodin receptor gene (RYR-1) and certain reproductive traits in pigs / M. Kmiec [et al.] // *Folia Univ. agriculturae steninsis.* – Szczecin, 2005. – N 243. – P. 81–87.
4. Associations between polymorphism of the estrogen receptor gene (ESR1Aval, ESR/PVUII) and reproduction traits f Polish Landrace boars / M. Kmiec [et al.] // *Folia Univ. agriculturae steninsis.* – Szczecin, 2005. – N 243. – P. 89–95.
5. Шейко, И. П. Разработка методов молекулярной генной диагностики и их использование в свиноводстве Беларуси / И. П. Шейко, Н. А. Лобан, О. Я. Василюк // *Вестн. Нац. акад. наук Беларуси. Сер. аграр. наук.* – 2005. – № 1. – С. 62–66.
6. Генетические профили свиней белорусской крупной белой породы, построенные на основе анализа ДНК-микросателлитов / И. П. Шейко [и др.] // *Вестн. белорусской государственной сельскохозяйственной академии.* – 2006. – № 3. – С. 99–102.
7. Селекция на повышение многоплодия свиноматок крупной белой породы методом молекулярной генной диагностики / И. П. Шейко [и др.] // *Вестн. Нац. акад. наук Беларуси. Сер. аграр. наук.* – 2006. – № 3. – С. 77–81.
8. Walters, J. K. Genetic and phenotypic parameters in performance-tested pigs / J. K. Walters, M. K. Curran, P. A. Kentich // *Animal Production.* – 1977. – Vol. 25, N 2. – P. 225–232. doi.org/10.1017/s0003356100039441
9. Dependence of Polyallelic Blood Groups on Productive Traits of Pigs / I. P. Sheyko [et al.] // *Molecular mechanisms of genetic processes and biotechnology.* – Moscow, 2001. – P. 369.
10. Зиновьева, Н. А. Перспективы использования молекулярной генной диагностики сельскохозяйственных животных / Н. А. Зиновьева, Е. А. Гладырь // *ДНК-технологии в клеточной инженерии и маркирование признаков сельскохозяйственных животных: материалы междунар. конф.* – Дубровицы, 2001. – С. 44–49.
11. Лобан, Н. А. Комплексная система селекции свиней белорусской крупной белой породы / Н. А. Лобан // *Вестник НГАУ.* – 2011. – № 1(17). – С. 64–70.
12. Лобан, Н. А. Система повышения откормочных и мясных качеств свиней белорусской крупной белой породы селекционно-генетическими методами / Н. А. Лобан, О. Я. Василюк // *Актуальные проблемы интенсивного развития животноводства.* – Горки, 2011. – С. 158–165.
13. Епишко, Т. И. Использование гена RYR-1 в селекционных программах в свиноводстве / Т. И. Епишко // *Эпизоотология, иммунология, фармакология, санитария.* – 2005. – № 3. – С. 29–32.
14. Polymorphism of gene RYR-1 in a Belarus meat-type pig and its association with metabolic processes and productive qualities / Т. I. Yepishko [et al.] // *Russian Agricultural Sciences.* – 2005. – N 9. – P. 21–24.
15. Шейко, И. П. Скрининг гена RYR-1 в популяциях белорусской мясной породы / И. П. Шейко, Т. И. Епишко // *Вестник БГСХА.* – 2005. – № 1. – С. 67–70.
16. Шейко, И. П. Популяционный анализ полиморфизма гена RYR-1 пород свиней Беларуси различного направления продуктивности / И. П. Шейко, Т. И. Епишко, О. П. Курак // *Докл. РАСХН.* – 2006. – № 1. – С. 36–38.

17. Комплексное влияние генов ESR и RYR-1 на репродуктивные качества свиноматок крупной белой и белорусской мясной пород / И. П. Шейко [и др.] // Вестн. БСХА. – 2006. – № 4. – С. 65–68.
18. Ассоциация генов ESR, PRLR, FSHB и RYR-1 в воспроизводительной функции хряков-производителей / О. А. Епишко [и др.] // Проблемы интенсификации производства продуктов животноводства в Республике Беларусь. – Жодино, 2008. – С. 51–53.
19. Биотехнологические аспекты сохранения и рационального использования генофонда крупного рогатого скота и свиней Беларуси / И. П. Шейко [и др.] // От классических методов генетики и селекции к ДНК-технологиям. – Минск, 2007. – С. 107.
20. Диагностика полиморфизма гена H-FABP / Т. И. Епишко [и др.] // Актуальные проблемы интенсификации производства продукции животноводства. – Жодино, 2005. – С. 58–59.
21. Использование ДНК-технологий в селекции сельскохозяйственных животных / И. П. Шейко [и др.] // Актуальные проблемы интенсификации производства продукции животноводства. – Жодино, 2005. – С. 79–80.

## References

1. Sheyko I. P., Sheyko R. I. Concept of Livestock Development of Belarus. *Fundamental'nye i prikladnye problemy povysheniya produktivnosti zhivotnykh i konkurentosposobnosti produktov zhivotnovodstva v sovremennykh ekonomicheskikh usloviyakh APK RF: Materialy Mezhdunarodnoi nauchno-prakticheskoi konferentsii. T. 1* [Fundamental and applied problems of increasing the productivity of animals and the competitiveness of livestock products in the current economic conditions of the agrarian and industrial complex of the Russian Federation: Proceedings of the International Scientific and Practical Conference. Vol. 1]. Ulyanovsk, Ulyanovsk State Agricultural Academy named after P. A. Stolypin, 2015, pp. 28–32 (in Russian).
2. Sheiko I. P., Epishko T. I. *Genetic methods for intensification of the selection process in pig breeding*. Zhodino, 2006. 197 p. (in Russian).
3. Kmiec M., Terman A., Kulig H., Polasik D. Analysis of relationship between polymorphism in the ryanodin receptor gene (RYR-1) and certain reproductive traits in pigs. *Folia Universitatis agriculturae steninsis*, Szczecin, 2005, no. 243, pp. 81–87.
4. Kmiec M., Terman A., Ziemak J., Kowalewska-Luczak I. Associations between polymorphism of the estrogen receptor gene (ESR1Aval, ESR/PVUII) and reproduction traits of Polish Landrace boars. *Folia Universitatis agriculturae steninsis*, Szczecin, 2005, no. 243, pp. 89–95.
5. Sheiko I. P., Loban N. A., Vasiluk O. Ya. Development of methods of molecular gene diagnostics and their application in pig breeding of Belarus. *Vestsi Natsyyanal'nay akademii navuk Belarusi. Seryya agrarnykh navuk = Proceedings of the National Academy of Sciences of Belarus. Agrarian series*, 2005, no. 1, pp. 62–66 (in Russian).
6. Sheiko I. P., Loban N. A., Zinov'eva N. A., Larionova P. V. Genetic profiles of Belarusian large white pigs constructed on the basis of the analysis of DNA microsatellites. *Vestnik belorusskoi gosudarstvennoi sel'skokhoziaistvennoi akademii = Bulletin of the Belarussian State Agricultural Academy*, 2006, no. 3, pp. 99–102 (in Russian).
7. Sheiko I. P., Loban N. A., Vasiluk O. Ya., Drabinovitch D. S. Selection of prolificacy improvement of large white sows by the molecular genetic method. *Vestsi Natsyyanal'nay akademii navuk Belarusi. Seryya agrarnykh navuk = Proceedings of the National Academy of Sciences of Belarus. Agrarian series*, 2006, no. 3, pp. 77–81 (in Russian).
8. Walters J. K., Curran M. K., Kentich P. A. Genetic and phenotypic parameters in performance-tested pigs. *Animal Production*, 1977, vol. 25, no. 2, pp. 225–232. doi.org/10.1017/s0003356100039441
9. Sheyko I. P., Yepishko T. I., Fedorenkova L. A., Yepishko A. N. Dependence of Polyallelic Blood Groups on Productive Traits of Pigs. *Molecular mechanisms of genetic processes and biotechnology*, Moscow, 2001, pp. 369 (in Russian).
10. Zinov'eva H. A., Gladyr' E. A. Perspectives of use of the molecular gene diagnosis of agricultural animals. *DNK-tekhnologii v kletchnoi inzhenerii i markirovanie priznakov sel'skokhoziaistvennykh zhivotnykh: materialy mezhdunarodnoi konferentsii* [DNA technologies in cell engineering and sign marking of agricultural animals: Proceedings of the International Conference], Dubrovitsy, 2001, pp. 44–49 (in Russian).
11. Loban N. A. Complex System of Breeding Large White Belorussian Pigs. *Vestnik Novosibirskogo gosudarstvennogo agrarnogo universiteta = Bulletin of NSAU (Novosibirsk State Agrarian University)*, 2011, no. 1(17), pp. 64–70 (in Russian).
12. Loban N. A., Vasiluk O. Ya. System of improving fattening and meat qualities of Belarusian large white pigs by the selective-genetic methods. *Aktual'nye problemy intensivnogo razvitiia zhivotnovodstva* [Actual problems for an intensive development of cattle breeding], Gorki, 2011, pp. 154–157 (in Russian).
13. Yepishko T. I. Use of the gene RYR-1 in the selection programs on pig breeding. *Epizootologiya, immunobiologiya, farmakologiya, sanitariia = Epizootology, immunobiology, pharmacology, sanitation*, 2005, no. 3, pp. 29–32 (in Russian).
14. Yepishko T. I., Sheyko R. I., Kurak O. P., Zurina N. V., Kovalchuk M. A. Polymorphism of gene RYR-1 in a Belarus meat-type pig and its association with metabolic processes and productive qualities. *Russian Agricultural Sciences*, 2005, no. 9, pp. 21–24.
15. Sheyko I. P., Yepishko T. I. Screening of the gene RYR-1 in Belarusian beef breed populations. *Vestnik belorusskoi gosudarstvennoi sel'skokhoziaistvennoi akademii = Bulletin of the Belarussian State Agricultural Academy*, 2005, no. 1, pp. 67–70 (in Russian).
16. Sheyko I. P., Yepishko T. I., Kurak O. P. Population analysis of the gene RYR-1 polymorphism of different-productivity pigs of Belarus. *Doklady Rossiiskoi akademii sel'skokhoziaistvennykh nauk = Russian Agricultural Sciences*, 2006, no. 1, pp. 36–38 (in Russian).

17. Sheiko I. P., Zhurina N. V., Epishko T. I., Kurak O. P. **Complex influence of the genes ESR and RYR-1 on the reproductive qualities of large white and Belarusian beef breed sows.** *Vestnik belorusskoi gosudarstvennoi sel'skokhoziaistvennoi akademii = Bulletin of the Belarussian State Agricultural Academy*, 2006, no. 4, pp. 65–68 (in Russian).

18. Epishko T. I., Sheiko R. I., Kalashnikova L. A. **Association of the genes ESR, PRLR, FSHB and RYR-1 in the reproductive functions of boar-producers.** *Problemy intensifikatsii proizvodstva produktov zhitovnovodstva v Respublike Belarus'* [Problems for intensification of the production of livestock products in the Republic of Belarus]. Zhodino, 2008, pp. 51–53 (in Russian).

19. Epishko T. I., Kurak O. P., Sheiko R. I., Petrushko I. S., Zhurina N. V., Koval'chuk M. A., Griбанова Zh. A., Epishko O. A. **Biotechnological aspects of conservation and rational use of the gene pool of cattle and pigs of Belarus.** *Ot klassicheskikh metodov genetiki i seleksii k DNK-tekhnologiiam* [From the classical methods of genetics and selection DNA technologies]. Minsk, 2007, pp. 107 (in Russian).

20. Sheiko R. I., Kurak O. P., Koval'chuk M. A., Zhurina N. V. **Diagnosis of the gene H-FABP polymorphism.** *Aktual'nye problemy intensifikatsii proizvodstva produktsii zhitovnovodstva* [Actual problems for intensification of the production of livestock products]. Zhodino, 2005, pp. 58–59 (in Russian).

21. Epishko T. I., Sheiko R. I., Kurak O. P. **Use of DNA technologies in the selection of agricultural animals.** *Aktual'nye problemy intensifikatsii proizvodstva produktsii zhitovnovodstva* [Actual problems for intensification of the production of livestock products]. Zhodino, 2005, pp. 79–80 (in Russian).

### **Информация об авторе**

*Шейко Руслан Иванович* – д-р **сельскохозяйственных наук**, доцент, заведующий лабораторией. Научно-практический центр НАН Беларуси по животноводству (ул. Фрунзе, 11, 222160, Жодино, Минская обл., Республика Беларусь). E-mail: belniig@tut.by.

### **Information about the authors**

*Sheyko Ruslan Ivanovich* – D. Sc. (Agrarian), Assistant Professor, Head of the Laboratory. Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus on Animal Husbandry (11, Frunze Str., 222160, Zhodino, Minsk region, Republic of Belarus). E-mail: belniig@tut.by.