

Чернов // Сельское хозяйство – проблемы и перспективы : сб. науч. тр. – Гродно, 2010. – Т. 1: Зоотехния. Экономика. – С. 85-90.

5. Использование методов молекулярной генной диагностики для повышения откормочных и мясных качеств свиней белорусской крупной белой пород / Н. А. Попков, И. П. Шейко, Н. А. Лобан, О. Я. Василюк // Весті Нацыянальнай акадэміі навук Беларусі. Серыя аграрных навук. – 2008. - № 4. – С. 70-74.

6. Melanocortin-4 receptor (MC4R) genotypes have no major effect on fatness in a Large White 3 Wild Boar intercross / H. B. Park [et al.] // Animal Genetics. – 2002. – Vol. 33. – P. 155-157.

7. Арсиенко, Р. Ю. Исследования полиморфизма гена H-FABP во взаимосвязи с хозяйственно-полезными признаками свиней / Р. Ю. Арсиенко, Е. А. Гладырь // Современные достижения и проблемы биотехнологии сельскохозяйственных животных : материалы междунар. науч. конф. – Дубровицы, 2002. – С. 94-96.

8. Лобан, Н. А. Оценка стрессустойчивости и плодовитости свиней методами молекулярной генной диагностики / Н. А. Лобан, О. Я. Василюк, Н. А. Зиновьева // Интенсификация производства продуктов животноводства. – Жодино, 2002. – С. 18.

9. Рокицкий, П. Ф. Биологическая статистика / П. Ф. Рокицкий. – Изд. 3-е, испр. – Минск : Высшэйшая школа, 1973. – 320 с.

Поступила 2.03.2020 г.

УДК 636.424.082(476)

О.Я. ВАСИЛЮК, Н.А. ЛОБАН, И.Ф. ГРИДЮШКО, И.П. ШЕЙКО,
Е.В. ПИЩЕЛКА, С.М. КВАШЕВИЧ

РЕЗУЛЬТАТЫ ГЕНЕТИЧЕСКОГО ТЕСТИРОВАНИЯ ХРЯКОВ БЕЛОРУССКОЙ КРУПНОЙ БЕЛОЙ ПОРОДЫ В ЗАВИСИМОСТИ ОТ ИХ ЛИНЕЙНОЙ ПРИНАДЛЕЖНОСТИ

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

В статье представлен анализ результатов генетического тестирования, определена частотность аллелей и генотипов генов-маркеров продуктивных качеств линий и родственных групп хряков белорусской крупной белой породы в с/х филиале СГЦ «Заднепровский» ОАО «Оршанский КХП» по генам: рианодинового рецептора (RYR 1), эстрогенового рецептора (ESR), рецепторов ECR 18 и H-FABP, а также инсулиноподобного фактора роста 2 (IGF-2).

У тестируемых животных линий и родственных групп по гену Ryr 1 частота встречаемости желательного аллеля N составляла – 0,992; нежелательного n – 0,008. Частота встречаемости желательного аллеля A гена IGF-2 в геноме свиней породы невысока и составляет в среднем 0,29. Частота встречаемости желательного аллеля B гена ESR в геноме свиней белорусской крупной белой породы составляет 0,44 %.

Анализ результатов генетического тестирования свиноматок породы показал, что частота встречаемости генотипов гена ECR F18 была следующей: AA – 2,1 %, AG – 39,1%, GG – 58,8 %. Встречаемость желательного аллеля A составила 0,21** и колебалась, в зависимости от линейного происхождения животного, от 0,15 до 0,25. Выявлено, что частота встречаемости генотипов гена H-FABP у свиней породы составила: DD –

10,6 %, Dd – 42,9 %, dd – 46,5 %, HH – 80,0 %, Hh – 12,5 %, hh – 7,5 %. Частота желательных аллелей d и H достаточно высока – 0,63 и 0,86 % соответственно.

Принято решение животных породы с учётом полиморфизма генов-маркеров продуктивных качеств и их продуктивности дифференцировать на материнские и отцовские линии с раздельной селекцией и различными стандартами.

Ключевые слова: селекция, свиньи, белорусская крупная белая порода, генетическое тестирование, гены: риаинодинового рецептора (RYR 1), эстрогенового рецептора (ESR), рецепторов ECR 18, H-FABP, инсулиноподобного фактора роста 2 (IGF-2), генетический профиль.

O.Y. VASILYUK, N.A. LOBAN, I.F. GRIDYUSHKO, I.P. SHEIKO, E.V.PISCHELKA,
S.M. KVASHEVICH

RESULTS OF GENETIC TESTING OF BELARUSIAN LARGE WHITE BREED OF BOARS DEPENDING ON THE LINEAR AFFILIATION

*Research and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus f
or Animal Breeding, Zhodino, Belarus*

The paper presents analysis of genetic testing results, determines the frequency of alleles and genotypes of marker genes for the performance traits of lines and related groups of boars of Belarusian large white breed at agricultural branch of SGC “Zadneprovsky” of OJSC “Orshanskiy KHP” according to the genes of: ryanodine receptor (RYR 1), estrogen receptor (ESR), ECR 18 and H-FABP receptors, as well as insulin-like growth factor 2 (IGF-2).

In the tested animal lines and related groups according to the Ryr 1 gene, the frequency of occurrence of the desired N allele made 0.992; undesired n – 0.008. The frequency of the desired IGF-2 gene allele A in the pig genome is low and averages 0.29. The frequency of the desired B allele of the ESR gene in the pig genome of Belarusian large white breed makes 0.44%.

Analysis of the results of genetic testing of sows of the breed showed that the frequency of ECR F18 gene genotypes was as follows: AA – 2.1 %, AG – 39.1%, GG – 58.8 %. The frequency of the desired allele A made 0.21^{***} and varied from 0.15 to 0.25 depending on the linear origin of animal. It was determined that the frequency genotypes of H-FABP gene in pigs of the breed made: DD – 10.6 %, Dd – 42.9 %, dd – 46.5 %, HH – 80.0 %, Hh – 12.5 %, hh – 7.5 %. The frequency of the desired alleles d and H is quite high – 0.63 and 0.86%, respectively.

It was decided to differentiate the animals of the breed, taking into account the polymorphism of marker genes of performance traits and their productivity, into maternal and paternal lines with separate selection and different standards.

Keywords: selection, pigs, Belarusian large white breed, genetic testing, genes: ryanodine receptor (RYR 1), estrogen receptor (ESR), ECR 18 and H-FABP receptors, insulin-like growth factor 2 (IGF-2), genetic profile.

Введение. В качестве генетических маркеров признаков продуктивности свиней белорусской крупной белой породы, представляющих практический интерес, изучались: риаинодиновый рецептор (RYR 1) – ген-кандидат чувствительности животных к стрессам; эстрогеновый рецептор (ESR) – плодовитости свиней; рецептор ECR 18 – чувствительности к колибактериозу; ген H-FABP – содержание внутримышечного жира; инсулиноподобный фактор роста 2 (IGF-2) – откормочных и мясных качеств [1].

Ген RYR1. Установлено, что чувствительность к злокачественной

гипертермии у свиней вызывается точковой мутацией гена рианодинового рецептора RYR1. Открытие данной мутации позволило разработать молекулярно-генетический тест, позволяющий чётко идентифицировать генотипы свиней (NN – стрессустойчивые носители, Nn – стрессустойчивые скрытые носители, nn – стрессчувствительные носители) [2].

Ген ESR. Репродуктивные качества свиноматок в геноме контролируется рядом генов. Установлено, что многоплодие свиней зависит от наличия полиморфных вариантов гена эстрогенового рецептора (ESR). Полиморфизм данного гена обусловлен наличием двух аллелей: А и В. Исследованиями установлено, что предпочтительным с точки зрения селекции является генотип ВВ. Выявлено, что свиноматки крупной белой и уржумской пород с генотипом ВВ превосходили в среднем по размерам гнезда животных с генотипом АА на 0,7-1,4 и 1,3 поросёнка соответственно [3].

Ген ECR F 18. Колибактериоз – заболевание, вызываемое патогенными штаммами *E. coli* с типом фимбрий F18. Оно проявляется в виде послеотъёмной диареи, которая приводит к гибели значительной части молодняка. Ген рецептора *E. coli* F 18 (ECR F18) представляет практический интерес для свиноводства в качестве генетического маркера. Установлено, что ген, кодирующий белок рецепторов кишечника свиней, имеющих родство с *E. coli* F 18, тесно сцеплен с геном альфа-1-фукозилтрансферазы (FUT 1). Наличие точковой мутации гена FUT 1 А→G (в позиции 307) делает возможным проведение косвенной диагностики полиморфизма гена ECR F 18 / FUT 1. Поросята, имеющие генотип GG или AG, предположительно являются, восприимчивы к колибактериозу, а с генотипом АА – устойчивыми [4].

Ген IGF-2. Главным маркером откормочных и мясных качеств свиней в настоящее время считается ген инсулиноподобного фактора роста 2 (IGF-2). Исследования показали, что мутация в гене IGF-2 (q→Q) существенно влияет на скорость роста и отложение жира у свиней. Данный ген характеризуется патернальным действием на продуктивность, то есть у потомства проявляется действие только того аллеля, который был унаследован от отца. Установлено, что предпочтительным с точки зрения селекции является генотип QQ [5].

Ген H-FABP. Ген связанного белка жирных кислот (H-FABP) рассматривается в качестве маркера содержания внутримышечного жира у свиней. Выявлено три типа аллельного полиморфизма: А, а; D, d; H, h. Установлено, что предпочтительным с точки зрения селекции является генотип aaddHH. Выявлено, что ген H-FABP оказывает косвенное влияние на некоторые показатели продуктивности откармливаемого молодняка свиней (толщина шпика и другие показатели) [6].

Целью работы являлся анализ результатов генетического тестирования хряков белорусской крупной белой породы в зависимости от их линейной принадлежности.

Материалы и методика исследований. Объектом исследований являлись линии и родственные группы хряков белорусской крупной белой породы, разводимых на племенном предприятии с.-х. филиал СГЦ «Заднепровский» ОАО «Оршанский КХП».

Генетическое тестирование в базовых хозяйствах проводилось по генам: рианодинового рецептора (RYR1), эстрогенового рецептора (ESR), рецепторов ECR 18 и H-FABP; инсулиноподобного фактора роста 2 (IGF-2). В качестве исходного материала использовались пробы ткани из ушной раковины свиней. Из образцов выделен и оптимизирован ДНК для анализа в лабораториях генетики (РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству»), генетики животных (ДНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси») и лаборатории молекулярной генетики (ВИЖ, Россия) полиморфизма генов методом ПЦР-ПДРФ (полимеразно-цепной реакции полиморфизма длин рестрикционных фрагментов).

- оценка откормочных и мясных качеств молодняка осуществлялась путём расчёта индекса мясо-откормочных качеств (ИМОК) определялся по формуле (1) [7]:

$$\text{ИМОК} = 1,3(200-X_1)+0,1(X_2-650)+67(4,1-X_3)+2,1(X_4-97,4)+4(33-X_5)+15(X_6-10,2)$$

где X_1 – возраст достижения живой массы 100 кг (дней);

X_2 – среднесуточный прирост (г);

X_3 – затраты корма на 1 кг прироста (к. ед.);

X_4 – длина туши (см);

X_5 – толщина шпика над 6-7 грудными позвонками (мм);

X_6 – масса задней трети полутуши (кг).

Материалы исследований обработаны методом вариационной статистики по стандартной компьютерной программе «Биостат».

Результаты эксперимента и их обсуждение. Генетический анализ генома линий и родственных групп хряков в базовом хозяйстве «СГЦ «Заднепровский» проводился с учётом полиморфизма главных генов-маркеров продуктивных качеств (RYR1; IGF-2; ESR; ESR F18; H-FABP).

Ген RYR1. Частоты встречаемости генотипов и аллелей гена RYR 1 у хряков белорусской крупной белой породы в СГЦ «Заднепровский» представлены в таблице 1.

У тестируемых животных белорусской крупной белой породы (всего тестировалось 37 голов) частота встречаемости желательного аллеля N составляла 0,992, нежелательного n – 0,008^{**}. При этом у племенных животных стрессчувствительный аллель n отсутствовал. Следует

отметить, что гетерозиготный генотип Nn присутствовал в геноме линий Свата 751 (5,0 %). Сябра 202065 (4,0), Свитанка 3884 (4,0) и Смыка 46706 (3,0 %).

Таблица 1 – Частотность встречаемости генотипов и аллелей гена Ryr 1

Линия, родственная группа	Число голов	Частоты генотипов, %		Частоты аллелей**	
		NN	Nn	N	n
Драчун 90685	2	100,0	-	1,0	-
Драчун 562	4	100,0	-	1,0	-
Секрет 8549	5	100,0	-	1,0	-
Сват 751	2	95,0	5,0	0,975	0,025
Сват 3487	3	100,0	-	□1,0	-
Сталактит 8387	4	10,0	-	1,0	-
Сябр 20065	3	96,0	4,0	0,980	□0,020
Сябр 903	3	100,0	-	1,0	-
Смык 46706	6	97,0	3,0	0,85	0,010
Свитанок 3884	5	96,0	4,0	0,980	0,020
В среднем	37	98,4	1,6	0,990	0,008

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

Ген IGF-2. Частоты встречаемости генотипов и аллелей гена IGF-2 у хряков белорусской крупной белой породы представлены в таблице 2.

Таблица 2 – Частотность встречаемости генотипов и аллелей гена IGF-2

Линия, родственная группа	Число голов	Частоты генотипов, %			Частоты аллелей**	
		AA	AG	GG	A	G
Драчун 90685	2	50,0	50,0	-	0,75	0,25
Драчун 562	4	-	25,0	□75,0	0,13	0,87
Секрет 8549	5	-	40,0	60,0	0,20	0,80
Сват 751	2	-	50,0	50,0	0,25	0,75
Сват 3487	3	-	□3,3	66,7	0,17	0,83
Сталактит 8387	4	-	25,0	75,0	0,13	0,87
Сябр 202065	3	3,3	-	66,7	0,33	0,67
Сябр 903	3	-	45,0	55,0	0,23	0,77
Смык 46706	6	16,7	66,6	□16,7	0,50	0,50
Свитанок 3884	5	-	40,0	60,0	0,20	0,80
В среднем	37	8,0	36,2	55,3	0,29	0,71

Проведённые исследования показали, что частота встречаемости желательного аллеля А в геноме свиней белорусской крупной белой породы невысока и составляет в среднем 0,29. Низкая частота аллеля А у белорусской крупной белой породы связана с тем, что аллель G гена IGF-2 связан с воспроизводительными качествами свиноматок,

поэтому преимущественный отбор по плодовитости ведёт у материнских пород к вымыванию предпочтительного аллеля А гена IGF-2 из популяции и, следовательно, к снижению показателей откормочной и мясной продуктивности.

Однако при анализе по линиям выявлено, что в геноме хряков таких линий, как Драчун 562, Смык 46706 и Сябр 202065 частоты аллеля А достаточно высоки (0,75, 0,50 и 0,33** соответственно). Это связано с тем, что родоначальники этих линий имели корень породы йоркшир, у которой встречаемость аллеля А гена IGF-2 достигает 80,0-90,0 % (рисунок 1).

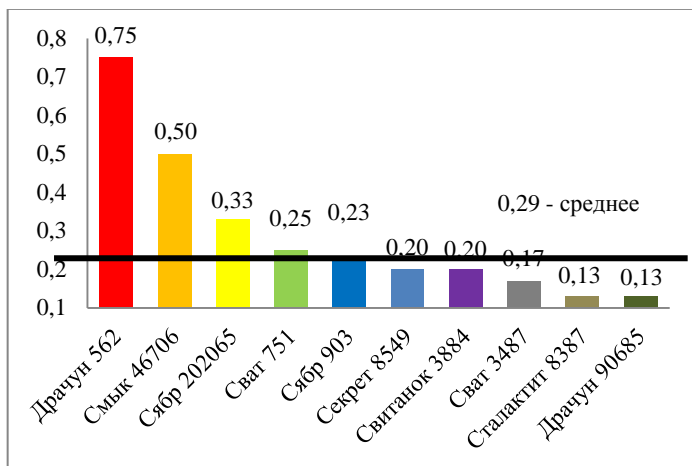


Рисунок 1 – Ранжирование желательного аллеля А гена IGF-2 по линиям и родственным группам хряков

Ген ESR. Частоты встречаемости генотипов и аллелей гена ESR у свиноматок белорусской крупной белой породы представлены в таблице 3.

Таблица 3 – Частотность встречаемости генотипов и аллелей гена ESR у свиноматок белорусской крупной белой породы

Линия, родственная группа	Число голов	Частоты генотипов, %			Частоты аллелей**	
		А	АВ	В	А	В
1	2	3	4	5	6	7
Драчун 90685	4	25,0	0,0	25,0	0,50	0,50
Драчун 562	16	37,5	18,7	43,8	0,47	0,53
Секрет 8549	10	70,0	20,0	10,0	0,80	0,20
Сваг 751	5	40,0	20,0	40,0	0,50	0,50
Сваг 3487	10	10,0	70,0	20,0	0,45	0,55

Продолжение таблицы 3

1	2	3	4	5	6	7
Сталактит 8387	11	18,2	45,4	36,4	0,41	0,59
Сябр 202065	3	-	66,7	33,3	0,66	0,33
Сябр 903	4	50,0	25,0	25,0	0,62	0,38
Смык 46706	13	15,4	53,8	30,8	0,42	0,58
Свитанок 3884	12	41,7	50,0	8,3	0,67	0,33
В среднем	82	30,0	41,9	27,4	0,56	0,44

Частота встречаемости желательного аллеля В в геноме свиней белорусской крупной белой породы составляет 0,44 %. Высокая концентрация аллеля В отмечена в геноме животных линий Сталактита 8387 (0,59^{**}), Смыка 46706(0,58) и Свата 3487 (0,55^{**}) (рисунок 2).

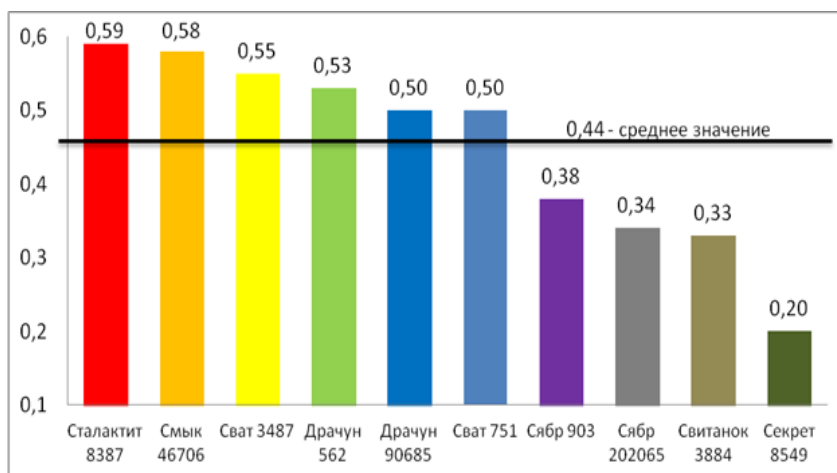


Рисунок 2 – Ранжирование желательного аллеля В гена ESR по линиям и родственным группам хряков

Ген ECR F 18. Анализ результатов генетического тестирования свиноматок белорусской крупной белой породы показал, что частота встречаемости генотипов гена ECR F18 была следующей (188 голов) (%): AA – 2,1, AG – 39,1, GG – 58,8 %. Встречаемость желательного аллеля А составила 0,21^{**} и колебалась, в зависимости от линейного происхождения животного, от 0,15 до 0,32^{**} (таблица 4, рисунок 3).

Анализ результатов генетического тестирования свиноматок белорусской крупной белой породы показал, что частота встречаемости генотипов гена ECR F18 была следующей (188 голов) (%): AA – 2,1, AG – 39,1, GG – 58,8 %. Встречаемость желательного аллеля А составила 0,21^{**} и колебалась, в зависимости от линейного происхождения жи-

вотного, от 0,15 до 0,32**.

Таблица 4 – Частотность встречаемости генотипов и аллелей гена ESR F18

Линия, родственная группа	Число голов	Частоты генотипов, %			Частоты аллелей**	
		AA	AG	GG	A	G
Драчун 90685	2	-	34,0	66,0	0,17	0,83
Драчун 562	4	1,8	45,6	52,6	0,32	0,68
Секрет 8549	5	-	36,0	64,0	0,18	0,82
Сват 751	2	2,4	42,0	55,6	0,23	0,77
Сват 3487	3	-	36,6	63,4	0,11	0,89
Сталактит 8387	4	-	39,0	61,0	0,20	0,80
Сябр 202065	3	2,3	45,0	52,7	0,25	0,75
Сябр 903	3	1,9	43,0	55,1	0,23	0,77
Смык 46706	6	2,1	40,0	57,9	0,22	0,78
Свитанок 3884	5	-	30,0	70,0	0,15	0,85
В среднем	37	2,1	39,1	58,8	0,21	0,79

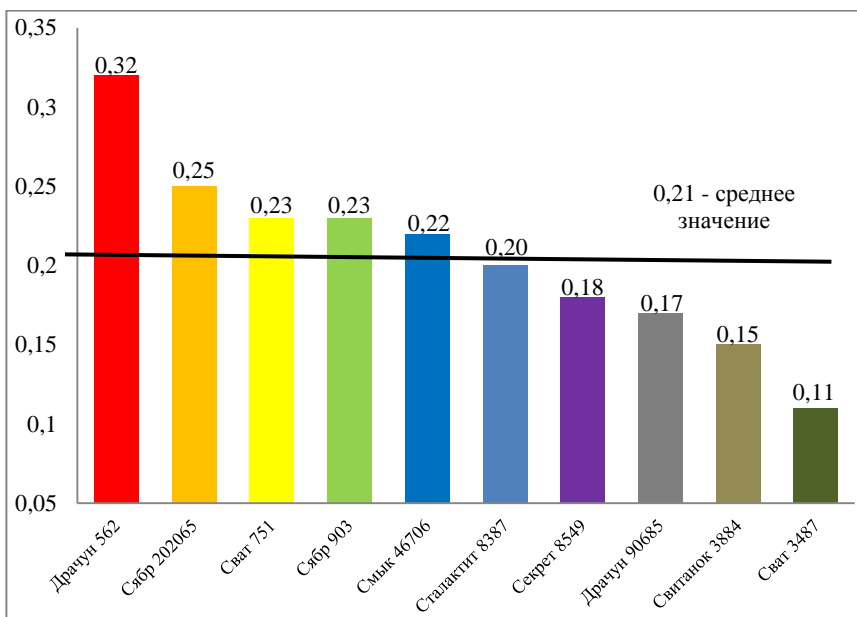


Рисунок 3 – Ранжирование желательного аллеля А гена ESR F18 по линиям и родственным группам хряков

Низкая частота встречаемости желательного аллеля А (0,11-0,32**) указывает на то, что животные белорусской крупной белой породы предрасположены к заболеванию колибактериозом.

Ген H-FABP. Частоты встречаемости генотипов и аллелей гена H-FABP у хряков белорусской крупной белой породы представлены в таблицах 5 и 6.

Таблица 5 – Частотность встречаемости генотипов и аллелей гена H-FABP (аллельная система D)

Линия, род- ственная группа	Число голов	Частоты генотипов, %			Частоты аллелей**	
		DD	Dd	dd	D	d
Драчун 90685	2	10,3	32,5	57,2	0,26	0,74
Драчун 562	4	12,7	50,0	37,3	0,38	0,62
Секрет 8549	5	8,8	38,0	53,2	0,28	0,72
Сват 751	2	11,4	51,0	37,6	0,37	0,63
Сват 3487	3	9,7	36,0	54,3	0,28	0,72
Сталактит 8387	4	9,9	38,0	52,1	0,29	0,71
Сябр 202065	3	11,7	52,0	36,3	0,38	0,62
Сябр 903	3	10,9	45,4	43,7	0,34	0,66
Смык 46706	6	10,4	48,0	41,6	0,35	0,65
Свитанок 3884	5	9,7	38,0	52,3	0,29	0,71
В среднем	43	10,6	42,9	46,5	0,37	0,63

Таблица 6 – Частотность встречаемости генотипов и аллелей гена H-FABP (аллельная система H)

Линия, род- ственная группа	Число голов	Частоты генотипов, %			Частоты аллелей**	
		HH	Hh	hh	H	h
Драчун 90685	2	80,3	10,6	9,1	0,86	0,14
Драчун 562	4	77,0	12,3	10,7	0,83	0,17
Секрет 1347	5	74,4	13,0	12,6	0,81	0,19
Сват 751	2	80,0	12,2	7,8	0,86	0,14
Сват 3487	3	86,7	13,3	-	0,93	0,07
Сталактит 8387	4	84,5	12,9	2,6	0,91	0,09
Сябр 202065	3	78,0	12,7	9,3	0,84	0,16
Сябр 903	3	76,5	13,1	10,4	0,83	0,17
Смык 46706	6	79,2	14,6	6,2	0,86	0,14
Свитанок 3884	5	83,4	10,5	6,1-	0,89	0,11
В среднем	43	80,0	12,5	7,5	0,86	0,14

Согласно нашим исследованиям, частота встречаемости генотипов гена H-FABP у свиней породы (43 головы) составила (%): DD – 10,6; Dd – 42,9; dd – 46,5; HH – 80,0; Hh – 12,5; hh – 7,5. Частота желательных аллелей d и H достаточно высока – 0,63 и 0,86 % соответственно. Выявлено, что мясо свиней, несущих нежелательное сочетание аллелей гена H-FABP, характеризуется меньшим содержанием внутримышечного жира.

Наибольшая частота встречаемости желательного аллеля d встречается в геноме хряков Драчуна 90685 (0,74^{**}), Свата 3487 (0,72), Секрета 8549 (0,72^{**}), аллеля H – Свата 3487 (0,93^{**}), Сталактита 8387 (0,91) и Свитанка 3884 (0,89^{**}).

Анализ генетического тестирования линий и родственных групп свиней белорусской крупной белой породы.

В качестве главного генетического маркера продуктивных качеств свиней белорусской крупной белой породы выбран ген IGF-2.

В результате исследований компании Gentec (Бельгия) установлено, что аллель G гена IGF-2 положительно связан с воспроизводительными качествами свиноматок, в то время как аллель A отвечает за высокие откормочные и мясные качества. Это исследование было положено в основу селекционной стратегии компании.

Проведенное специалистами лаборатории изучение аллельного полиморфизма гена IGF-2 и анализ продуктивности животных породы полностью подтвердили данные, полученные компанией Gentec.

В наших исследованиях выявлен ряд закономерностей. Так, у животных, в геноме которых наблюдается относительно высокая концентрация аллеля A гена IGF-2 (л. Драчуна 562 (0,75^{**}), л. Смыка 46706 (50,0), л. Сябра 202065 (0,33), л. Свата 751 (0,25), л. Сябра 903 (0,23^{**})) наблюдались более высокие показатели откормочных и мясных качеств, выраженные индексом ИМОК (82,7; 85,8; 68,8; 70,9 и 75,1 баллов соответственно) (таблица 7).

Таблица 7 – Продуктивность хряков белорусской крупной белой породы в СГЦ «Заднепровский» в зависимости от их линейной принадлежности

Линии и родственные группы	Многоплодие свиноматок, голов	Откормочные качества			Мясные качества			ИМОК, баллов
		возраст достижения живой массы 100 кг, дней	среднесуточный прирост, г	загрузка корма на 1 кг прироста, к. ед.	толщина шпика, мм	длина туши, см	масса задней трети полу туши, кг	
1	2	3	4	5	6	7	8	9
Драчун 562	11,0	193	685	3,74	24,5	96,3	11,0	82,7
Смык 46706	11,2	191	690	3,72	25,0	95,8	11,0	85,8
Сябр 202065	11,2	196	661	3,84	24,0	96,7	10,9	68,8
Сват 751	10,7	200	652	3,79	24,0	98,3	11,0	70,9
Сябр 903	11,3	196	664	3,81	24,0	96,9	11,0	75,1

Продолжение таблицы 7

1	2	3	4	5	6	7	8	9
Секрет 8549	11,4	205	614	4,07	23,8	97,2	10,9	48,7
Свитанок 3884	11,5	215	568	4,29	23,0	97,9	10,9	50,5
Сват 3487	11,5	213	575	4,25	23,3	97,2	11,0	50,8
Сталактит 8387	12,0	212	551	4,36	23,5	97,1	10,9	48,5
Драчун 90685	11,7	208	561	4,31	24,0	97,5	11,0	48,0
В среднем	11,4	203	622	4,01	24,0	97,1	11,0	63,0

С другой стороны, у животных с преобладанием в геноме аллеля G гена IGF-2 (л. Секрета 8549 (0,80^{**}), л. Свитанка 3884 (0,80), л. Свата 3487(0,83), л. Сталактита 8387 (0,87) и л. Драчуна 90685 (0,87^{**})) многоплодие повышается на 2,8-8,3 % по сравнению с животными линий с более высокой концентрацией аллеля A.

Следует отметить, что хряки, чьё потомство имеет более высокие показатели откормочной и мясной продуктивности, имеют преимущественно зарубежное происхождение. Так, л. Драчуна 562, л. Свата 751 и л. Сябра 903 ведут своё происхождение от животных породы йоркшир польского, л. Смыка 46706 – канадского, л. Сябра 202065 – английского происхождения.

Таким образом, принято решение животных породы с учётом полиморфизма генов-маркеров продуктивных качеств и их продуктивности дифференцировать на материнские и отцовские линии с раздельной селекцией и различными стандартами (таблица 8).

Таблица 8 – Дифференцирование хряков белорусской крупной белой породы на отцовские и материнские линии

Отцовские линии	Материнские линии
Драчун 562	Секрет 8549
Смык 46706	Свитанок 3884
Сябр 202065	Сват 3487
Сват 751	Сталактит 8387
Сябр 903	Драчун 90685

Основное направление в селекции в материнских линиях – повышение резистентности молодняка и многоплодия маток, в отцовских – улучшение откормочных и мясных качеств.

Заключение. Проведено генетическое тестирование и определена частотность аллелей и генотипов генов-маркеров продуктивных качеств линий и родственных групп хряков белорусской крупной белой

породы в с.-х. филиале СГЦ «Заднепровский» ОАО «Оршанский КХП» по генам: рианодинового рецептора (RYR1), эстрогенового рецептора (ESR), рецепторов ECR 18 и H-FABP, а также инсулиноподобного фактора роста 2 (IGF-2).

У тестируемых животных линий и родственных групп по гену RYR1 частота встречаемости желательного аллеля N составляла 0,992, нежелательного n – 0,008. При этом у племенных животных стрессчувствительный аллель n отсутствовал. Следует отметить, что гетерозиготный генотип Nn присутствовал в геноме линий Свата 751 (5,0 %). Сябра 202065 (4,0), Свитанка 3884 (4,0) и Смыка 46706 (3,0 %).

Частота встречаемости желательного аллеля А гена IGF-2 в геноме свиней породы невысока и составляет в среднем 0,29. Однако при анализе по линиям выявлено, что в геноме хряков таких линий, как Драчун 90685, Смык 46706 и Сябр 202065 частоты аллеля А достаточно высоки (0,75, 0,50 и 0,33 соответственно). Частота встречаемости желательного аллеля В гена ESR в геноме свиней белорусской крупной белой породы составляет 0,44 %. Высокая концентрация аллеля В отмечена в геноме животных линий Сталактита 8387 (0,59**), Смыка 46706 (0,58) и Свата 3487 (0,55).

Анализ результатов генетического тестирования свиноматок породы показал, что частота встречаемости генотипов гена ECR F18 была следующей (%): AA – 2,1, AG – 39,1, GG – 58,8. Встречаемость желательного аллеля А составила 0,21** и колебалась, в зависимости от линейного происхождения животного, от 0,15 до 0,25.

Выявлено, что частота встречаемости генотипов гена H-FABP у свиней породы составила (%): DD – 10,6; Dd – 42,9; dd – 46,5; HH – 80,0; Hh – 12,5; hh – 7,5. Частота желательных аллелей d и H достаточно высока – 0,63 и 0,86 % соответственно. Следует отметить, что мясо свиней, несущих нежелательное сочетание аллелей гена H-FABP, характеризуется меньшим содержанием внутримышечного жира. Наибольшая частота встречаемости желательного аллеля d встречается в геноме хряков Драчуна 90685 (0,74), Свата 3487 (0,72), Секрета 1347 (0,72), аллеля H – Свата 3487 (0,93), Сталактита 8387 (0,91) и Свитанка 3884 (0,89).

Принято решение животных породы с учётом полиморфизма генов-маркеров продуктивных качеств и их продуктивности дифференцировать на материнские и отцовские линии с раздельной селекцией и различными стандартами. Отцовские линии – Драчуна 562, Смыка 46706, Сябра 202065, Свата 751 и Сябра 903, материнские – Секрета 8549, Свитанка 3884, Свата 3487, Сталактита 8387 и Драчуна 90685.

Литература

1. Лобан, Н. А. Крупная белая порода свиней – методы совершенствования и использования / Н. А. Лобан. – Минск : ПЧУП Бизнесофсет, 2004 – 110 с.
2. Лобан, Н. А. Оценка стрессустойчивости и плодовитости свиней методами молекулярной генной диагностики / Н. А. Лобан, О. Я. Василюк, Н. А. Зиновьева // Интенсификация производства продуктов животноводства : материалы метод. науч.-практ. конф. – Жодино, 2002. – С. 48-51.
3. Шейко, И. П. Селекция на повышение многоплодия свиноматок крупной белой породы методом молекулярной диагностики / И. П. Шейко, Н. А. Лобан, О. Я. Василюк // Весці НАН Беларусі. Серыя аграрных навук. – 2006. – № 3. – С. 77-82.
4. Молекулярная генная диагностика в свиноводстве Беларуси / Н. А. Лобан, Н. А. Зиновьева О. Я. Василюк, Е. А. Гладырь. – Дубровицы : ВИЖ, 2005. – 42 с.
5. Эрнст, Л. К. Биологические проблемы животноводства в XXI веке / Л. К. Эрнст, Н. А. Зиновьева. – Москва : РАСХН, 2008. – 501 с.
6. Арсиенко, Р. Ю. Исследования полиморфизма гена H-FABP во взаимосвязи с хозяйственно-полезными признаками свиней / Р. Ю. Арсиенко, Е. А. Гладырь // Современные достижения и проблемы биотехнологии сельскохозяйственных животных : материалы междунар. науч. конф. – Дубровицы, 2002. – С. 94-96.
7. Пат. ВУ 17677, С1 МПК А 01К 67/02. Способ оценки сочетаемости родительских пар свиней по мясо-откормочным качествам потомков / Лобан Н. А., Василюк О. Я., Маликов И. С., И. П. ; заявитель и патентообладатель Науч.-практический центр Нац. акад. наук Беларуси по животноводству. – a20100713 ; заявл. 2010.05.11 ; опубл. 2013.10.30, Афіц. бюл. № 5. – 5 с.

Поступила 2.03.2020 г.

УДК 636.234.034.082

С.Л. ВОЙТЕНКО, Е.В. СИДОРЕНКО

РОЛЬ ЛИНИИ В ПОВЫШЕНИИ УРОВНЯ МОЛОЧНОЙ ПРОДУКТИВНОСТИ КОРОВ РАЗНЫХ ПОРОД УКРАИНСКОЙ СЕЛЕКЦИИ

*Институт разведения и генетики животных имени М.В. Зубца
Национальной академии аграрных наук Украины, Чубинское, Украина*

Проведена оценка быков разных линий голштинской породы чёрно-пёстрой и красно-пёстрой масти по уровню молочной продуктивности их дочерей – коров украинской чёрно-пёстрой и украинской красно-пёстрой молочных пород. Установлено, что происхождение по отцу оказывает более существенное влияние на продуктивность коров дочерей по сравнению с линией. Потомство быков одной линии в пределах каждой породы характеризовалось значительной дифференциацией молочной продуктивности, что может согласовываться как с племенной ценностью быков, так и условиями окружающей среды. Определены быки, обеспечивающие высокий уровень продуктивности потомству в каждой из исследуемых пород.

Ключевые слова: быки, порода, линия, коровы, молочная продуктивность, удои.