

М.А. КОВАЛЬЧУК, Н.В. ЖУРИНА

## ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА ПОПУЛЯЦИЙ СВИНЕЙ БЕЛОРУССКОЙ МЯСНОЙ ПОРОДЫ ПО ГЕНАМ H-FABP И RYR1

РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук  
Беларуси по животноводству»

**Введение.** Большое количество научных статей зарубежных и отечественных авторов посвящено изучению эффективности применения различных методов селекции свиней для повышения их мясности. Основное внимание уделяется совершенствованию уже существующих пород классическими методами селекции. Многие зарубежные авторы в своих исследованиях широко используют достижения молекулярной генетики и предлагают применять для оценки животных современные методы диагностики, одним из которых является метод ПЦР-ПДРФ.

Применение ДНК-маркеров в селекции свиней дает возможность быстро и четко определить генетический потенциал животных и провести отбор по комплексу признаков продуктивности, а также разрабатывать эффективные программы разведения животных на основе новых технологий [1, 2].

Поиск, выявление и использование в селекции генетических маркеров, детерминирующих признаки откормочной, мясной продуктивности и качества мяса, имеют большое значение для свиноводства. Ряд зарубежных авторов утверждает, что такими ДНК-маркерами могут служить гены H-FABP и RYR1.

Ген H-FABP, кодирующий ключевой белок, связывающий жирные кислоты, детерминирующий содержание внутримышечного жира у свиней, может рассматриваться как маркер в селекции свиней для повышения мясной продуктивности и улучшения качества мяса. Gerbens F. впервые выявил и описал полиморфизм гена H-FABP у свиней различных пород и установил, что предпочтительным для селекции является генотип H-FABP<sup>H<sup>hd</sup></sup>. Животные с данным генотипом имеют меньшую толщину шпика на 0,6 мм, большую массу задней трети полуши на 0,3-0,5 кг [3].

Ген рианодинового рецептора (RYR1), ассоциированный со стрессчувствительностью свиней, оказывает влияние на процентное содержание постного мяса, животные с генотипом RYR1<sup>NN</sup> имеют мясо лучшего качества. Как известно, у подверженных стрессу животных

снижается продуктивность, ухудшается качество мяса и чаще всего наблюдается порок – PSE («Pale» - бледное, «Soft» - мягкое, «Exudative» - водянистое) [1, 2]. Так как гены H-FABP и RYR1 влияют на продуктивность свиней, есть основание для изучения полиморфизма данных генов и сочетания комплекса генотипов с целью дальнейшего применения результатов для повышения показателей продуктивных признаков свиней.

Цель наших исследований – изучение генетической структуры популяций свиней белорусской мясной породы по генам H-FABP и RYR1.

**Материал и методика исследований.** Экспериментальная часть работы выполнялась в РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству». Базовыми хозяйствами были: РСУП «СГЦ «Заднепровский» Витебской, РСУП «СГЦ «Заречье» Гомельской, РСУП «СГЦ «Западный» Брестской, РУСП «Заречье» Минской, ЗАО «Клевица» Минской областей.

Объектом исследований для проведения тестирования по генам H-FABP и RYR1 являлись свиньи белорусской мясной породы (n=312). В структуру породы входили следующие половозрастные группы: хряки-производители (65 гол.), свиноматки (76 гол.), ремонтные хрячки (23 гол.) и откормочный молодняк (153 гол.), у которых были взяты биопробы ткани. Ядерную ДНК экстрагировали перхлоратным методом по методике Н.А. Зиновьевой с собственными модификациями [4, 5]. Концентрацию, степень очистки, нативность и подвижность полученной ДНК определяли электрофоретическим методом.

Аmplификацию фрагментов гена H-FABP аллельных систем H и D проводили методом ПЦР.

Полемерно-цепную реакцию проводили в амплификаторе «AMP-LY4» («Biokom», Россия). Амплификацию фрагментов гена H-FABP аллельных систем H и D проводили в реакционной смеси объемом 25 мкл, содержащей 1x буфер, 2 мМ дидеоксирибонуклеотидтрифосфатов, 20 пМ каждого праймера, 1-2 ед. активности Taq-полимеразы, 100-200 нг геномной ДНК при стандартных условиях: начальная денатурация: 95 °С – 5 мин.; 35 циклов: денатурация при 95 °С – 1 мин., отжиг при 60 °С (аллель H) и 58 °С (аллель D) – 1 мин., синтез при 72 °С – 1 мин.; достройка при 72 °С – 5 мин.

Для проведения ПЦР использовали олигонуклеотидные праймеры следующих последовательностей:

для аллельной системы H:

H-FABP1 (H): 5' – AAG AGG ACC AAG ATG CCT ACG – 3'

H-FABP2 (H): 5'– TGC TGT CCA CTA GCT TCC AGG – 3'

для аллельной системы D:

H-FABP1 (D): 5' – АТТ СAG СТА СТС АGC TGT TTC С – 3'

H-FABP2 (D): 5' – ААС ААА СТС ТСА GGA ATG GGA G – 3'

Продукты ПЦР фракционировали электрофоретическим методом. В качестве маркера использовали ДНК плазмиды pBR322, расщепленную рестриктазой AluI. Длина амплифицированного участка гена H-FABP аллельной системы H составляет 560 п.о. и аллельной системы D – 611 п.о. 10 мкл амплификата расщепляли соответствующими рестриктазами в количестве 1-2 ед. активности: HinfI (аллельная система H), HaeIII или BSU (аллельная система D), используя инкубацию при температуре 37 °С в течение 3-5 часов. Продукты рестрикции разделяли электрофоретическим методом в 3%-ном агарозном геле при напряжении 150 В в течение 1 часа.

Амплификацию фрагмента гена RYR1 проводили при стандартных условиях: начальная денатурация: 94 °С – 4 мин.; 30 циклов: денатурация при 94 °С – 30 сек., отжиг при 60 °С – 30 сек., синтез при 72 °С – 30 сек.; достройка при 72 °С – 5 мин., с использованием олигонуклеотидных праймеров следующих последовательностей:

RYR1: 5' – GTG CTG GAT GTC CTG TGT TCC CT - 3'

RYR2: 5' – СTG GTG АСА TAG TTG ATG АGG TTT G - 3'

Специфичность амплификата оценивали электрофоретическим методом в 2%-ном агарозном геле при напряжении 150 В в течение 20 мин. В качестве маркера использовали ДНК плазмиды pBR322, расщепленную рестриктазой AluI. Длина амплифицированного участка гена RYR1 составляет 134 п.о. 10 мкл амплификата расщепляли 1-2 ед. активности соответствующей рестриктазой HinfI и инкубировали 3-4 часа при температуре 37 °С. Продукты рестрикции разделяли электрофоретическим методом в 2%-ном агарозном геле при напряжении 140 В в течение 30 минут.

С целью определения генетической структуры популяций свиней рассчитывали частоты генотипов и аллелей генов H-FABP (аллельные системы H и D) и RYR1 с использованием стандартных биометрических методов [6].

**Результаты эксперимента и их обсуждение.** В наших исследованиях полиморфизм гена H-FABP был выявлен методом ПЦР-ПДРФ. Изучена генетическая структура различных популяций свиней белорусской мясной породы по гену H-FABP (таблица 1).

В результате генетического тестирования установлены отличия встречаемости генотипа H-FABP<sup>HH</sup> и аллеля H-FABP<sup>H</sup> в зависимости от популяции и половозрастной группы.

Выявлено, что частота встречаемости генотипа H-FABP<sup>HH</sup> в популяции свиней из РСУП «СГЦ «Заднепровский» изменялась в зависимости от половозрастной группы животных от 73,3 (свиноматки) до

82,0 % (хряки-производители), с концентрацией аллеля Н-FAВР<sup>H</sup> – 0,86-0,91.

Таблица 1 – Генетическая структура по гену Н-FAВР, аллельной системе Н различных популяций свиней белорусской мясной породы

Хозяйство, половозрастная группа	Частота встречаемости				
	Генотипов, %			Аллелей	
	НН	Нh	hh	Н	h
PCУП «СГЦ «Заднепровский», свиноматки, n=75	73,3	25,3	1,3	0,86	0,14
PCУП «СГЦ «Заднепровский», хряки-производители, n=50	82,0	18,0	-	0,91	0,09
PCУП «СГЦ «Заднепровский», ремонтные хрячки, n=23	73,9	26,1	-	0,74	0,26
PCУП «СГЦ «Заднепровский», откормочный молодняк, n=10	80,0	20,0	-	0,90	0,10
<b>В среднем по хозяйству:</b> <b>158</b>	<b>77,3</b>	<b>22,4</b>	<b>0,3</b>	<b>0,85</b>	<b>0,15</b>
PCУП «СГЦ «Западный» хряки-производители, n=15	47,7	53,3	-	0,73	0,27
PCУП «Заречье» Минской обл., откормочный молодняк, n=69	43,5	43,5	13,0	0,65	0,35
PCУП «СГЦ «Заречье» Гомельской обл., откормочный молодняк, n=15	53,3	40,0	6,7	0,73	0,27
ЗАО «Клевица», откормочный молодняк, n=55	67,3	30,9	1,8	0,83	0,17
<b>В среднем по породе:</b> <b>312</b>	<b>65,1</b>	<b>32,1</b>	<b>2,8</b>	<b>0,79</b>	<b>0,21</b>

Анализ популяций откормочного молодняка показал, что концентрация генотипа Н-FAВР<sup>НН</sup> и аллеля Н-FAВР<sup>H</sup> варьировала от 43,5 % и 0,65 в PCУП «Заречье» Минской обл. до 67,3 % и 0,83 в ЗАО «Клевица», соответственно. Встречаемость животных с гетерозиготным генотипом Н-FAВР<sup>Hh</sup> в популяциях хряков-производителей варьировала от 18,0 (PCУП «СГЦ «Заднепровский») до 53,3 % (PCУП «СГЦ «Западный»), концентрация аллеля Н-FAВР<sup>H</sup> от 0,91 до 0,73, соответственно,

что свидетельствует о различной интенсивности селекционных процессов в данных популяциях, направленных на увеличение мясной продуктивности животных. В среднем по белорусской мясной породе концентрация генотипа Н-FABP<sup>HH</sup> составила 65,0 %, аллеля Н-FABP<sup>H</sup> – 0,79.

Анализируя характер встречаемости генотипа Н-FABP<sup>dd</sup> в популяциях свиней белорусской мясной породы (таблица 2), мы видим, что наибольшая концентрация этого генотипа и аллеля Н-FABP<sup>d</sup> наблюдалась у хряков-производителей из РСУП «СГЦ «Заднепровский» - 58,0% и 0,72, соответственно.

Таблица 2 – Генетическая структура по гену Н-FABP, аллельной системе D различных популяций свиней белорусской мясной породы

Хозяйство, половозрастная группа	Частота встречаемости				
	Генотипов, %			Аллелей	
	DD	Dd	dd	D	d
РСУП «СГЦ «Заднепровский», свиноматки, n=76	13,2	36,8	50,0	0,32	0,68
РСУП «СГЦ «Заднепровский», хряки-производители, n=50	14,0	28,0	58,0	0,28	0,72
РСУП «СГЦ «Заднепровский», ремонтные хрячки, n=23	13,0	34,8	52,2	0,30	0,70
РСУП «СГЦ «Заднепровский», откормочный молодняк, n=10	-	60,0	40,0	0,30	0,70
<b>В среднем по хозяйству:</b> <b>159</b>	<b>10,0</b>	<b>39,9</b>	<b>50,1</b>	<b>0,30</b>	<b>0,70</b>
РСУП «СГЦ «Западный» хряки-производители, n=15	6,7	60,0	33,3	0,37	0,63
РУСП «Заречье» Минской обл., откормочный молодняк, n=72	20,8	44,4	34,7	0,43	0,57
РСУП СГЦ «Заречье» Гомельской обл., откормочный молодняк, n=16	25,0	50,0	25,0	0,50	0,50
ЗАО «Клевица», откормочный молодняк, n=55	9,1	47,3	43,6	0,33	0,67
<b>В среднем по породе:</b> <b>317</b>	<b>12,7</b>	<b>45,2</b>	<b>42,1</b>	<b>0,35</b>	<b>0,65</b>

Установлено, что встречаемость животных с гетерозиготным генотипом Н-FABP<sup>dd</sup> разных половозрастных групп в популяции свиней из РСУП «СГЦ «Заднепровский» варьировала от 28,0 (хряки-производители) до 60,0 % (откормочный молодняк). В популяциях откормочного молодняка колебания частот встречаемости генотипа Н-FABP<sup>dd</sup> составили от 25,0 (РСУП «СГЦ «Заречье» Гомельской) до 43,6% (ЗАО «Клевица»). В среднем по породе частота встречаемости генотипа Н-FABP<sup>dd</sup> и аллеля Н-FABP<sup>d</sup> составила 42,1 % и 0,65, соответственно.

Согласно данным научной литературы [2], одной из доминирующих причин снижения качества мяса является рост частот встречаемости подверженных стрессу животных, вызванному мутацией в гене RYR1.

Скрининг гена RYR1 в популяциях хряков-производителей, свиноматок, ремонтных хрячков и откормочного молодняка белорусской мясной породы выявил полиморфизм, представленный двумя аллелями: RYR1<sup>N</sup> – без мутации, RYR1<sup>n</sup> – с точковой мутацией (таблица 3).

Таблица 3 – Генетическая структура по гену RYR1 различных популяций свиней белорусской мясной породы

Хозяйство, половозрастная группа	Частота встречаемости				
	Генотипов, %			Аллелей	
	NN	Nn	nn	N	n
1	2	3	4	5	6
РСУП «СГЦ «Заднепровский», свиноматки, n=76	50,0	48,7	1,3	0,74	0,26
РСУП «СГЦ «Заднепровский», хряки-производители, n=51	66,7	33,3	-	0,83	0,17
РСУП «СГЦ «Заднепровский», ремонтные хрячки, n=35	77,1	22,9	-	0,89	0,11
РСУП «СГЦ «Заднепровский», откормочный молодняк, n=10	80,0	20,0	-	0,90	0,10
<b>В среднем по хозяйству: 172</b>	<b>68,5</b>	<b>31,2</b>	<b>0,3</b>	<b>0,84</b>	<b>0,16</b>
РСУП «СГЦ «Западный», хряки-производители, n=15	93,3	6,7	-	0,97	0,03

Продолжение таблицы 3

1	2	3	4	5	6
РУСП «Заречье» Минской обл., откормочный молодняк, n=76	89,5	10,5	-	0,95	0,05
РСУП «СГЦ «Заречье» Гомельской обл., откормочный молодняк, n=17	100	-	-	1	-
ЗАО «Клевица», откормочный молодняк, n=55	90,9	9,1	-	0,95	0,05
<b>В среднем по породе: 335</b>	<b>80,9</b>	<b>18,9</b>	<b>0,16</b>	<b>0,90</b>	<b>0,1</b>

Проведенное нами ДНК-тестирование животных белорусской мясной породы выявило значительный процент предрасположенных к стрессу животных. Высокий процент частот встречаемости свиноматок-носителей мутации (48,7 %) связан с формированием опытных групп, в которые намеренно отбирались животные с мутацией в гене RYR1 для дальнейшего изучения комплексного влияния генов RYR1 и H-FABP на продуктивные качества.

Анализ полиморфизма гена RYR1 белорусской мясной породы свиней выявил изменчивость частот встречаемости генотипов и аллелей в зависимости от популяции и половозрастной группы животных.

В среднем по породе встречаемость животных, свободных от стресса (RYR1<sup>NN</sup>) составила 80,9 %, носителей мутантного гена (RYR1<sup>Nn</sup>) – 18,9 %, чувствительных к стрессу (RYR1<sup>nn</sup>) – 0,2 %. Наиболее высокой частотой встречаемости мутации в гене RYR1 характеризовались популяции свиноматок и хряков-производителей РСУП «СГЦ «Заднепровский» - 48,7 и 33,3 %, соответственно, наименьшей – хряков-производителей в РСУП «СГЦ «Западный» - 6,7 %.

Частота встречаемости мутации в гене RYR1 в разных популяциях откормочного молодняка варьировала от 0 % (РСУП «СГЦ «Заречье») до 20,0 % (РСУП «СГЦ «Заднепровский»).

Совершенно очевидно, что выявленный полиморфизм гена RYR1 у белорусской мясной породы не является постоянным и изменяется в зависимости от половозрастной группы животных, популяции, а также зависит от интенсивности и направленности отбора, направления селекции животных. Полученные результаты свидетельствуют о необходимости проведения ДНК-тестирования племенных животных белорусской мясной породы.

Интенсивная селекция свиней на увеличение мясности туш приво-

дит к негативным последствиям: снижению естественной резистентности и появлению стресс-синдрома, ассоциированного с геном RYR1, следствием которых являются снижение откормочной и мясной продуктивности [1, 2].

Установлено варьирование частот встречаемости комплексных генотипов по генам RYR1 и H-FABP (аллельная система H) в зависимости от популяции и половозрастной группы животных.

Анализ распределения частот комплексных генотипов RYR1H-FABP(H) выявил, что в популяциях хряков-производителей, ремонтных хрячков, свиноматок и откормочного молодняка белорусской мясной породы, разводимых в РСУП «СГЦ «Заднепровский», частота встречаемости животных с комплексным генотипом RYR1<sup>NN</sup>H-FABP<sup>HH</sup> составила: 58,0 %, 47,8 %, 32,0 % и 70,0 %, соответственно (таблица 4).

Таблица 4 – Генетическая структура популяций белорусской мясной породы свиней по комплексу генов RYR1 и H-FABP

Хозяйство, половозрастная группа	Частота встречаемости генотипов, %					
	RYR1 <sup>NN</sup> H-FABP <sup>HH</sup>					
1	2	3	4	5	6	7
РСУП «СГЦ «Заднепровский», производители, n=50	58,0	10,0	-	24,0	8,0	-
РСУП «СГЦ «Заднепровский», ремонтные хрячки, n=23	47,8	17,4	-	26,1	8,7	-
РСУП «СГЦ «Заднепровский», свиноматки n=75	32,0	17,4	-	40,0	8,0	1,3
РСУП «СГЦ «Заднепровский», молодняк, n=10	70,0	10,0	-	10,0	10,0	-
РУСП «Заречье» Минской обл., молодняк, n=62	40,3	33,9	12,9	4,8	8,1	-
РСУП «СГЦ «Заречье» Гомельской обл., молодняк, n=15	53,3	40,0	6,7	-	-	-

Продолжение таблицы 4

1	2	3	4	5	6	7
ЗАО «Клевица», молодняк, n=54	61,1	27,8	1,8	5,6	3,7	-
РСУП «СГЦ «Западный», производители, n=15	46,7	46,7	-	-	6,6	-

Примечание: частота встречаемости генотипа RYR1<sup>nn</sup> HFABP<sup>nn</sup> у свиноматок РСУП СГЦ «Заднепровский» составила 1,3 %

Встречаемость животных с сочетанием генотипов RYR1<sup>NN</sup> HFABP<sup>NN</sup> в популяциях откормочного молодняка составила: 40,3 % в РСУП «Заречье», 53,3 % в РСУП «СГЦ «Заречье», 61,1 % в ЗАО «Клевица». В различных популяциях частота встречаемости мутантного аллеля RYR1<sup>n</sup> у животных колебалась от 0 до 40,0 %.

Выявлено варьирование частот встречаемости по комплексу генов RYR1 и H-FABP (аллельная система D) в зависимости от популяции и половозрастной группы животных (таблица 5).

Таблица 5 – Генетическая структура популяций белорусской мясной породы свиней по комплексу генов RYR1 и H-FABP

Хозяйство, половозрастная группа	Частота встречаемости генотипов, %					
	RYR1 <sup>NN</sup> HFABP <sup>DD</sup>					
1	2	3	4	5	6	7
РСУП «СГЦ «Заднепровский», производители, n=50	12,0	18,0	38,0	2,0	10,0	20,0
РСУП «СГЦ «Заднепровский», ремонтные хрячки, n=23	8,7	26,1	30,4	4,3	8,7	21,7
РСУП «СГЦ «Заднепровский», свиноматки, n=75	8,0	26,8	24,1	2,7	12,5	25,0
РСУП «СГЦ «Заднепровский», молодняк, n=10	-	50,0	30,0	-	10,0	10,0

Продолжение таблицы 5

1	2	3	4	5	6	7
РУСП «Заречье» Минской обл., молодняк, n=62	18,8	35,9	32,8	1,6	7,8	3,1
РСУП «СГЦ «Заречье» Гомельской обл., молодняк, n=15	25,0	50,0	25,0	-	-	-
ЗАО «Клевица», молодняк, n=54	9,3	44,4	37,0	-	3,7	5,6
РСУП «СГЦ «Западный», производители, n=15	6,7	53,3	33,3	-	6,7	-

Примечание: частота встречаемости генотипа RYR1<sup>nn</sup> H-FABP<sup>dd</sup> у свиноматок РСУП СГЦ «Заднепровский» составила 0,9%

В исследуемых популяциях хряков-производителей, ремонтных хрячков, свиноматок и откормочного молодняка белорусской мясной породы из РСУП «СГЦ «Заднепровский» частоты встречаемости животных с комплексным генотипом RYR1<sup>NN</sup> H-FABP<sup>dd</sup> составили: 38,0%, 30,4 %, 24,1 % и 30,0 %, соответственно.

Показатели концентрации генотипа RYR1<sup>NN</sup> H-FABP<sup>dd</sup> в популяциях откормочного молодняка были следующими: 32,8 % (РУСП «Заречье»), 25,0 % (РСУП «СГЦ «Заречье»), 37,0 % (ЗАО «Клевица»).

Частоты встречаемости животных с генотипом RYR1<sup>Nn</sup> H-FABP<sup>dd</sup> в РСУП «СГЦ «Заднепровский» распределились следующим образом: 20,0 % - хряки-производители, 21,7 % - хрячки, 25,0 % - свиноматки и 10,0 % - откормочный молодняк. Наименьшей частотой встречаемости характеризовался молодняк с генотипом RYR1<sup>Nn</sup> H-FABP<sup>dd</sup> 0 % из РСУП «СГЦ «Заречье» и 5,6 % из ЗАО «Клевица».

Таким образом, в результате проведенных исследований установлены различия в частотах встречаемости генотипов и аллелей генов H-FABP и RYR1 в зависимости от популяции и половозрастной группы животных, что обусловлено различиями в направлении продуктивности свиней и интенсивности отбора на повышение показателей мясных признаков в отдельных популяциях.

**Заключение.** В процессе исследований изучена генетическая структура по генам H-FABP и RYR1 различных популяций и половозрастных групп свиней белорусской мясной породы, разводимых в хозяйствах Республики Беларусь.

Анализ полиморфизма гена H-FABP (аллельная система H) выявил, что в популяции хряков-производителей из РСУП «СГЦ «Заднепровский» наблюдалось преобладание животных с генотипом H-FABP<sup>HH</sup> (82,0 %) над сверстниками генотипа H-FABP<sup>Hh</sup> (18,0 %). Редко встречающийся генотип H-FABP<sup>hh</sup> у производителей не выявлен, в среднем по породе частота его составила 2,8 %.

Выявленный полиморфизм гена H-FABP (аллельная система D) показал, что наибольшей частотой встречаемости генотипа H-FABP<sup>dd</sup> характеризовались производители из РСУП «СГЦ «Заднепровский» - 58,0 %, в среднем по породе этот показатель составил 42,1 %.

Установлено, что концентрация аллеля RYR1<sup>N</sup> в среднем по породе составила 0,90 и колебалась в зависимости от популяции и половозрастной группы животных от 0,74 до 0,95. Частота встречаемости мутантного аллеля RYR1<sup>n</sup> составила 0,03-0,26, в среднем по породе этот показатель равен 0,1.

При анализе распределения частот генотипов по генам RYR1H-FABP(H) выявлено, что встречаемость животных из РСУП «СГЦ «Заднепровский» с комплексным генотипом RYR1<sup>NN</sup>H-FABP<sup>HH</sup> изменялась от 32,0 % (свиноматки) до 70,0 % (откормочный молодняк). Встречаемость животных с генотипов RYR1<sup>NN</sup>H-FABP<sup>dd</sup> варьировала в пределах 24,1 % (свиноматки, РСУП «СГЦ «Заднепровский») – 38,0% (хряки-производители, РСУП «СГЦ «Заднепровский»).

#### Литература

1. Шейко, И. П. Генетические методы интенсификации селекционного процесса в свиноводстве : моногр. / И. П. Шейко, Т. И. Епишко. – Жодино, 2006. – 197 с.
2. Калашникова, Л. А. ДНК-технологии оценки сельскохозяйственных животных / Л. А. Калашникова, Н. В. Рыжова // Вестник РАСХН. – 2000. – № 1. – С. 59.
3. A dimorphic microsatellite in the porcine H-FABP gene at chromosome 6 / F. Gerbens [et al.] // Animal Genetics. – 1998. – Vol. 29, N 5. – P. 408.
4. Зиновьева, Н. А. Проблемы биотехнологии и селекции сельскохозяйственных животных / Н. А. Зиновьева, Л. К. Эрнст. – Дубровицы, 2006. – 326 с.
5. Методические рекомендации по применению ДНК-тестирования в животноводстве Беларуси / И. П. Шейко [и др.]. – Жодино, 2006. – 26 с.
6. Меркурьева, Е. К. Биометрия в селекции и генетике сельскохозяйственных животных / Е. К. Меркурьева. – М. : Колос, 1970. – 423 с.

(поступила 15.03.2012 г.)