

**МАРКЕРНАЯ СЕЛЕКЦИЯ В МЯСНОМ СКОТОВОДСТВЕ
РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ**

**Епишко О. А.¹, Пестис В. К.¹, Чебуранова Е. С.¹, Сонич Н. А.¹,
Глинская Н. А.²**

¹ – УО «Гродненский государственный аграрный университет»

г. Гродно, Республика Беларусь

² – УО «Полесский государственный университет»

г. Пинск, Республика Беларусь

Современное ведение сельского хозяйства невозможно представить без внедрения новейших разработок молекулярной биотехнологии, позволяющих на уровне ДНК определить животных с лучшим генотипом по тем или иным признакам продуктивности. Данные разработки позволяют вести целенаправленную селекцию, например, для создания стада животных, имеющих высокую мясную продуктивность. Актуальность ДНК-типирования крупного рогатого скота по генам мясной продуктивности обусловлена возможностью ранней диагностики и отбора животных для мясного скотоводства [3].

Миостатин обладает некоторыми необычными свойствами и ингибирует развитие мышечных тканей у животных. Миостатин – синтезируемый внутри организма пептид, который подавляет рост и дифференцировку мышечной ткани, ингибитор мышечного роста, образуется в мышцах и затем выделяется в кровь, оказывая свое действие на мышцы за счет связывания с рецепторами ACVR2B (activin type II receptor). Эксперименты на животных показывают, что блокирование воздействия миостатина обуславливает значительное увеличение мышечной массы животного (а также относительное уменьшение размера внутренних органов и ряда других особенностей) с практически полным отсутствием у него жировой прослойки. Мутация у породы Бельгийская голубая (Belgian Blue) в этом гене приводит к ярко выраженной мышечной гипертрофии, в других европейских породах (Пьемонтская, Каролас и Мен-Анжу) также показано наличие мутаций, не выключающих работу гена, а только повреждающих его и приводящих к умеренной гипертрофии мышц [2]. У крупного рогатого скота миостатин закодирован в гене MSTN.

На базе научно-исследовательской лаборатории «ДНК-технологий» УО «Гродненский государственный аграрный университет» разработан способ проведения ПЦР-анализа для генотипирования крупного рогатого скота по гену MSTN. У животных с мутацией в данном

гене наблюдается увеличение мышечной массы крупного рогатого скота до 20% [1].

Для проведения ДНК-диагностики на выявление мутации в гене MSTN у крупного рогатого скота абердин-ангусской, лимузинской и герефордской пород был взят биологический материал в виде небольшого выщипа уха. Экстрагирование нуклеиновых кислот проводилось перхлоратным методом с двойной очисткой (по методу Зиновьевой). Концентрация ДНК измерялась с помощью спектрофотометра Implen P330.

Генотипирование животных проводили методом ПЦР-анализа, используя следующий режим амплификации:

x1: 94⁰C – 4 мин

x40: 94⁰C – 30 с, 68⁰C – 30 сек, 72⁰C – 30 с

x1: 72⁰C – 5 мин.

Реакционная смесь для амплификации общим объемом 20 мкл включала: буфер – 1,5 мкл; смесь dNTP – 2,0 мкл; Taq-полимераза – 0,5 мкл; MgCl₂ – 1,5 мкл; праймер 1 – 0,5 мкл, праймер 2 – 0,5 мкл; деионизированная вода – 13 мкл. Далее в смесь вносили 10-100 нг/мкл выделенной ДНК.

Для амплификации фрагментов гена MSTN использовали следующую последовательность праймеров:

MSTN F: 5' – GGGGGGGAGAGATTTTGGGCTTGATTGTGA – 3'

MSTN R: 5' – GGGGGGGTGCAATAATCCAATCCCATCCAA – 3'

Амплификация ПЦР при использовании термоциклера C1000 Touch™ BIORAD с соответствующими температурными и временными профилями (ПЦР-программа).

Детекцию результатов ПЦР-анализа осуществляли методом горизонтального электрофореза в 3% агарозном геле в TBE буфере при УФ-свете с использованием бромистого этидия.

Праймеры MSTN F и MSTN R инициируют амплификацию ПЦР-фрагмента для выявления мутации в гене MSTN крупного рогатого скота длиной 119 bp (здоровые животные), 108 bp (больные животные) и 119/108 bp (животные носители).

В результате исследований разработан способ проведения ПЦР-анализа для генотипирования крупного рогатого скота по гену MSTN.

Учитывая сообщения зарубежных ученых о взаимосвязи гена MSTN с мясной продуктивностью, необходим генетический мониторинг разводимых популяций мясного скота для закрепления желаемых признаков.

ЛИТЕРАТУРА

1. Fahrenkrug, S. C. Technical Note: Direct Genotyping of the Double-Muscling Locus (mh) in Piedmontese and Belgian Blue Cattle by Fluorescent PCR / S.C. Fahrenkrug [et al.] // *Animal Science*. – 1999. – 77: 2028-2030.
2. Flier J.S. Clinical review 94: what's in a name? In search of leptin's physiologic role / Flier JS. // *J Clin. Endocrinol. Metab.* - 1998. — Vol. 83. - P. 1407-13.
3. Tautz D. Cryptic simplicity in DNA is a major source of genetic variation / D. Tautz, M. Trick, G. A. Dover // *Nature*. – 1986. – Vol. 322. – P. 652-656.

УДК 636.2.082.12:636.034(476)

ИЗУЧЕНИЕ ГЕНОФОНДА ПЛЕМЕННЫХ КОРОВ МОЛОЧНОГО НАПРАВЛЕНИЯ ПРОДУКТИВНОСТИ, РАЗВОДИМЫХ В РЕСПУБЛИКЕ БЕЛАРУСЬ

**Журина Н. В.¹, Ганджа А. И.¹, Цыбовский И. С.², Котова С. А.²,
Ковальчук М. А.¹, Курак О. П.¹, Симоненко В. П.¹, Леткевич Л. Л.¹,
Кириллова И. В.¹**

¹ – РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук
Беларуси по животноводству»

г. Жодино, Республика Беларусь

² – ГУ «НПЦ Государственного комитета судебных экспертиз
Республики Беларусь»

г. Минск, Республика Беларусь

Современное скотоводство основано на использовании относительно небольшого числа быков-производителей, что зачастую ведет не только к повышению продуктивности, но и к накоплению генетических аномалий, повышению уровня инбридинга, снижению результативности селекции из-за уменьшения генетического разнообразия пород. Удобным инструментом контроля и управления генетическими ресурсами являются микросателлитные локусы ДНК (STR-локусы), которые мы использовали в настоящем исследовании для оценки состояния современного генофонда племенных коров молочного направления продуктивности, разводимых в различных географических регионах республики.