

УДК 636.2.034

## **АССОЦИАЦИЯ ГЕНА МАННОЗА-СВЯЗЫВАЮЩЕГО ЛЕКТИНА (MBL1) С УСТОЙЧИВОСТЬЮ К МАСТИТАМ КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА**

Пешко В. В., Епишко О. А., Ситько А. А., Чебуранова Е. С.  
УО «Гродненский государственный аграрный университет»  
г. Гродно, Республика Беларусь

Внедрение современных технологий в животноводческую отрасль сельского хозяйства позволяет увеличивать объемы производства и обеспечивать биологическую безопасность получаемой продукции. В настоящее время развитие новых методов биотехнологии, в т. ч. методов селекции с молекулярно-генетическими маркерами, позволяет максимально полно реализовывать генетический потенциал животных и увеличивать экономическую прибыль. Наиболее актуальным направлением в селекции крупного рогатого скота является изучение ассоциации генетических маркеров с хозяйственно полезными признаками и резистентностью к заболеваниям различной этиологии [2].

На развитие отрасли молочного скотоводства значительное влияние оказывают различные факторы, в т. ч. и болезни молочной железы. Мировые научные исследования показывают, что в системе мер борьбы с маститом важное место должен занимать метод ДНК-диагностики, основанный не только на выявлении специфичного участка ДНК возбудителя, но и на поиске маркеров генетической устойчивости к данному заболеванию. Таким образом, изучение генов, взаимосвязанных с восприимчивостью организма животных к заболеваниям молочной железы и количеством соматических клеток, позволит повысить экономическую эффективность производства молочной продукции.

В настоящее время исследованиями зарубежных ученых выявлена возможность использования гена манноза-связывающего лектина в качестве потенциального гена кандидата для проведения маркерной селекции на устойчивость к маститам крупного рогатого скота [1, 3].

Анализ литературных источников свидетельствует о том, что исследования ряда авторов показывают взаимосвязь между полиморф-

ными вариантами гена MBL1 с устойчивостью к возбудителям инфекций, в т. ч. и возбудителям мастита [4].

Целью нашей работы явилось изучение влияния гена манноза-связывающего лектина (MBL1) на содержание соматических клеток в молоке и показатели молочной продуктивности коров белорусской черно-пестрой породы. Исследования проводились в отраслевой научно-исследовательской лаборатории ДНК-технологий УО «Гродненский государственный аграрный университет». Объектом наших исследований являлся генетический материал (ушной выщип) крупного рогатого скота, содержащегося в СПК имени И. П. Сенько Гродненского района.

ДНК-диагностику генотипов гена MBL 1 проводили с использованием метода полимеразной цепной реакции (ПЦР) и полиморфизма длин рестрикционных фрагментов (ПДРФ). Ядерную ДНК выделяли перхлоратным методом. Для амплификации участка гена MBL1 использовали следующие праймеры:

MBL1f: 5/-GTGGTGGCAAATGTTGGCTAAAC-3/ (23 н.);

MBL1r: 5/-TGGCTCTCCCTTTTCTCCCTT-3/ (21 н.).

ПЦР-программа включает в себя следующий режим: денатурация при 94 °С 30 с, отжиг праймеров при 62 °С 45 с и элонгация при температуре 72 °С 45 с, количество циклов – 35.

Для генотипирования по локусу манноза-связывающего лектина использовали эндонуклеазу HaeIII, которая имеет сайт рестрикции GAATC/C и продукт амплификации с длиной 255 п. н.

В результате проведенных исследований определен полиморфизм гена MBL1 методом ПЦР-ПДРФ-анализа. При расщеплении фрагментов ПЦР с помощью эндонуклеазы идентифицировались следующие генотипы: MBL1<sup>TT</sup> – 255 п. н., MBL1<sup>CC</sup> – 178/77 п. н., MBL1<sup>TC</sup> – 255, 178, 77 п. н.

Таким образом, разработка и адаптация методики генотипирования крупного рогатого скота по гену манноза-связывающего лектина (MBL1) позволит использовать данный ген в качестве маркера устойчивости к маститу у животных и проводить селекцию на увеличение частоты встречаемости предпочтительного генотипа по гену манноза-связывающего лектина у крупного рогатого скота.

#### ЛИТЕРАТУРА

1. Абдуллина, Л. В. Ген манноза-связывающего лектина (MBL), и влияние его полиморфизма на устойчивость коров к маститу / Л. В. Абдуллина, Г. Р. Юсупова // Ученые записки Казанской Государственной Академии Ветеринарной медицины имени Н. Э. Баумана, Казань, 2019. – Т. 238 (II). – С. 4-9.
2. Генотипирование племенных животных с помощью молекулярно-генетических методов (методические рекомендации) / Е. С. Усенбеков [и др.]. – Алматы: Айтумар, 2014. – 81 с.

3. Association study of genetic variants at single nucleotide polymorphisms 109231409 of mannose-binding lectins 1 gene with mastitis susceptibility in Vrindavani crossbred cattle / V. N. Muhasin Asaf [et al.] // Veterinary World, EISSN: 2231-0916. Published online: 12-10-2014.
4. Characterization and validation of point mutation in mb11 gene and its relationship with mastitis in murrah buffalo (bubalus bubalis) / Kamaldeep Dhundwal [et al.] // Buffalo Bulletin. – 2019. – Vol.38. – № 3. – 451-457.

УДК636.424.082.32:636.033

## **ПРОДУКТИВНОСТЬ СВИНОМАТОК КРОССОВ ЛИНИЙ БЕЛОРУССКОЙ КРУПНОЙ БЕЛОЙ ПОРОДЫ**

Пищелка Е. В.

РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук

Беларуси по животноводству»

г. Жодино, Республика Беларусь

Свиноводство – классическая область животноводства Республики Беларусь. В настоящее время основной задачей последующего формирования свиноводства на современном этапе считается рост отрасли, увеличение ее конкурентоспособности на основе разработки и применения в промышленном свиноводстве вариантов скрещивания, специализация пород и внедрение межпородной и породно-линейной гибридизации [1].

Наравне с совершенствованием имеющихся пород немаловажное значение имеет создание специализированных линий и заводских типов и внедрение в производство эффективных систем гибридизации, т. к. предоставляет возможность за относительно небольшой период времени получить положительные результаты: усовершенствовать репродуктивные качества материнских линий, с одной стороны, и увеличить мясные и откормочные качества признаки отцовских линий, с другой стороны [2].

Цель работы – изучить продуктивность свиноматок кроссов линий белорусской крупной белой породы.

Исследования проводились в филиале СГЦ «Заднепровский» ОАО «Оршанский КХП». Объектом исследований были свиноматки белорусской крупной белой породы кроссов линий Сват 3487 × Сябр 903, Драчун 562 × Смык 46706, Смык 46706 × Сват 3487 и Сябр 903 × Драчун 562. Количество животных – 120 голов, по 30 голов в каждом сочетании.

Оценка продуктивности свиноматок велась по следующим показателям: многоплодие, массе гнезда в 21 день (молочность), массе и