

**МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ МАРКЕРЫ КАК ИНСТРУМЕНТ ОТБОРА ЖИВОТНЫХ, ХАРАКТЕРИЗУЮЩИХСЯ БОЛЕЕ ВЫСОКИМ ГЕНЕТИЧЕСКИМ ПОТЕНЦИАЛОМ ПО ПРИЗНАКАМ МОЛОЧНОЙ ПРОДУКТИВНОСТИ И ФЕРТИЛЬНОСТИ**

*Пирханов Г. Г., Жерносеков Д. Д.*

*Витебский государственный университет имени П.М. Машиерова*

*e-mail: pirhanow1997@gmail.com*

*Summary. The most economically important productive characteristics which are necessary for the effective development of the dairy industry are the following: milk yield, production of milk fat and protein, as well as fertility of dairy cows. With the development of technology, much attention is paid to cattle breeding programs based on molecular genetic research methods. In our study, the most important genes responsible for productivity and fertility were examined. The obtained data are planned to be used in experimental studies on the expression of productivity and fertility genes in dairy cows of Belarus.*

Экономическими важными признаками молочных коров является улучшение продуктивности и фертильности. Использование геномики позволяет улучшить отбор животных с необходимыми признаками. Преимущество метода гена-кандидата по сравнению с традиционным отбором состоит в том, что животных можно отбирать точно, в раннем возрасте, на основе признаков, которые трудно или дорого измерить. Обнаружение гена-кандидата зависит от интересующего фенотипа или признака. На основе анализа литературных данных мы выделили следующие ключевые гены-маркеры: гены, кодирующие молочную продуктивность среди которых важное место занимает ген казеина молока (*CASA1*). Полиморфизм этого гена влияет на содержание белка и жира в молоке; ген пролактина (*PRL*), который влияющий на надой молока; ген гормона роста (*IGF-1*), который выполняет ключевую роль при лактации. Ген лептина (*LEP*), который принимает участие в регуляции секреции пролактина [1]. Гены-кандидаты, связанные с фертильностью: ген плазменного белка-A2 (*PAPP2-A2*) и ген кальпастина (*CAST*), ген *KALRN*, ген *LIF*. Фертильность – сложный признак, который частично регулируется геномном уровне. У молочных коров генетическая ценность в отношении фертильности и продуктивности отрицательно коррелирует в пределах 0,35–0,60 [2, 3]. Неблагоприятная генетическая корреляция между молочной продуктивностью и плодовитостью затрудняет одновременное повышение молочной продуктивности и плодовитости в животноводстве. Быстрое генетическое улучшение признаков молочной продуктивности у молочного скота сопровождалось снижением фертильности коров. Отчасти в результате значительное улучшение надоев молока за последние 40 лет сопровождалось снижением рождаемости.

Наиболее экономически важными продуктивными характеристиками, необходимыми для эффективного развития молочной промышленности, являются: надой молока, выработка молочного жира и белка, а также фертильность молочных коров. С развитием технологий большое внимание уделяется программам селекции крупного рогатого скота, основанным на молекулярно-генетических методах исследования. В нашем исследовании были рассмотрены наиболее важные гены, отвечающие на продуктивность и фертильность. Полученные данные планируется использовать в экспериментальных работах по изучению экспрессии генов продуктивности и фертильности у молочных коров Белоруссии.

**Список использованных источников**

1. Cai, Z., Guldbandsen, B., Lund, M.S. et al. Prioritizing candidate genes for fertility in dairy cows using gene-based analysis, functional annotation and differential gene expression. *BMC Genomics* 20, 255 (2019). <https://doi.org/10.1186/s12864-019-5638-9>

2. Ortega MS. Identification of genes associated with reproductive function in dairy cattle. *Anim Reprod.* 2018 Aug 3;15(Suppl 1):923-932. doi: 10.21451/1984-3143-AR2018-0018. PMID: 36249832; PMCID: PMC9536062.

3. Cai Z, Guldbbrandtsen B, Lund MS, Sahana G. Prioritizing candidate genes for fertility in dairy cows using gene-based analysis, functional annotation and differential gene expression. *BMC Genomics.* 2019 Mar 29;20(1):255. doi: 10.1186/s12864-019-5638-9. PMID: 30935378; PMCID: PMC6444876.

#### УДК 575.174.4

### ДНК-ДИАГНОСТИКА МУТАЦИЙ, ДЕТЕРМИНИРУЮЩИХ НАСЛЕДСТВЕННЫЕ ЗАБОЛЕВАНИЯ КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА ГОЛШТИНСКОЙ ПОРОДЫ

Романишко Е. Л., Киреева А. И.

Институт генетики и цитологии Национальной академии наук Беларуси

e-mail: lenaRamanishko@mail.ru

**Summary.** Using the developed by us methods DNA-detection mutations in the *FANCI*, *APAF1*, *SMC2*, *GART*, *TFB1M*, *SLC35A3*, *ITGB2*, *APOB*, *UMPS*, and *FXI* genes determining hereditary diseases of cattle were identified. Monitoring of cattle populations in Belarus ( $n = 4617$  heads), revealed the frequency of occurrence of animals of hidden carriers of mutant alleles of the genetic diseases: *HH0C*, which was 3.27 %, *HH1C* – 2.82 %, *HH3C* – 3.75 %, *HH4C* – 0.59 %, *HCD1,3* – 2.75 %, *HH5C* – 2.2 %, *CVC* – 2.54 %, *BLC* – 0.62 %, *DPC* – 0 %, *XIC* – 0.39 %. DNA diagnostics of foreign and domestic breeding stock will reduce the spread of genetic defects that reduce the reproductive qualities of livestock.

Основная доля молочного скота в Республике Беларусь приходится на поголовье голштиinizированной черно-пестрой породы. Интенсивная селекция, направленной на увеличение молочной продуктивности животных привела к накоплению груза генетических мутаций в популяции, которые могут как приводить к гибели эмбрионов на разных сроках развития (LoF-мутации), так и влиять на качество жизни животного и производимое сырье, что приводит к значительным экономическим потерям. Современные молекулярные методы позволяют проводить ДНК диагностику племенных животных и выявлять животных скрытых носителей генетических дефектов, исключая тем самым их из селекционного процесса. Поэтому нами были разработаны методы ДНК-диагностики мутаций, детерминирующих наследственные заболевания крупного рогатого скота: бронхиспинальный синдром (BY), гаплотип фертильности 1 (HH1), гаплотип фертильности 3 (HH3), гаплотип фертильности 4 (HH4), гаплотип фертильности 5 (HH5), дефицит холестерина (HCD), комплексный порок позвоночника (CVM), дефицит адгезии лейкоцитов (BLAD), дефицит уридинмонофосфатсинтетазы (DUMS) и дефицит фактора свертываемости крови XI (FXID).

В качестве объекта исследования был использован крупный рогатый скот голштинской породы. Материалом для исследования служила ДНК, выделенная из биологического материала – цельной крови, проб ткани (ушной выщип) и спермы. Для идентификации наследственных заболеваний крупного рогатого скота были использованы следующие методы (табл. 1).

Таблица 1 – Наследственные заболевания КРС и методов их идентификации

Заболевание	Ген	ВТС	SNP	Тип мутации	Метод
BY	<i>FANCI</i>	21: 21184870-21188198	–	делеции 3329 п.н. (Val876Leufs26X)	ПЦР
HH1	<i>APAF1</i>	5: 62810245	rs448942533	C>T (Gln579Ter)	ПЦР-ПДРФ
HH3	<i>SMC2</i>	8: 93753358	rs456206907	T>C (Phe1135Ser)	АС-ПЦР-РВ
HH4	<i>GART</i>	1: 1997582	rs465495560	A>C (Asn290Thr)	ПЦР-РВ