

На правах рукописи



ГИНИЯТУЛЛИН ИЛЬНАР ИЛЬХАМОВИЧ

**ДНК-ТЕСТИРОВАНИЕ АЛЛЕЛЬНОГО ПОЛИМОРФИЗМА ПОМЕСНЫХ
(ЙОРКШИР × ЛАНДРАС) СВИНЕЙ ПО ГЕНАМ ПРОДУКТИВНОСТИ**

06.02.07 – разведение, селекция и генетика
сельскохозяйственных животных

АВТОРЕФЕРАТ

диссертации на соискание учёной степени
кандидата биологических наук

Казань - 2017

Работа выполнена в федеральном государственном бюджетном образовательном учреждении высшего образования «Казанская государственная академия ветеринарной медицины имени Н.Э. Баумана»

Научный руководитель: **Ахметов Тахир Мунавирович**
доктор биологических наук, профессор

Официальные оппоненты: **Калашникова Любовь Александровна**
доктор биологических наук, профессор,
заведующая лабораторией ДНК-технологий
ФГБНУ «Всероссийский научно-
исследовательский институт племенного
дела»

Зиннатова Фарида Фатиховна кандидат
биологических наук, заместитель директора по
научной работе ФГБНУ «Татарский научно-
исследовательский институт сельского
хозяйства»

Ведущая организация: федеральное государственное бюджетное
образовательное учреждение высшего
образования "Казанский государственный
аграрный университет"

Защита диссертации состоится «8» декабря 2017 года в «15⁰⁰» часов на заседании диссертационного совета Д 220.034.02 при ФГБОУ ВО «Казанская государственная академия ветеринарной медицины имени Н.Э. Баумана» по адресу: 420029, г. Казань, Сибирский тракт, 35.

С диссертацией можно ознакомиться в библиотеке ФГБОУ ВО «Казанская государственная академия ветеринарной медицины имени Н.Э. Баумана» и на сайтах <http://www.vak.ed.gov.ru> и www.ksavm.senet.ru

Автореферат разослан « ____ » _____ 2017 года

Ученый секретарь
диссертационного совета

Р.Я. Гильмутдинов

1 ОБЩАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА РАБОТЫ

Актуальность темы. Система селекционно-племенной работы на данном этапе развития, будучи в рамках отбора и подбора животных по фенотипу нуждается в усовершенствовании. Для решения данной проблемы следует использовать оценку животных на уровне генома, то есть по истинному генетическому потенциалу. В настоящее время разработано и апробировано достаточно широкий набор методик и техник, позволяющих определять спектр генов-кандидатов, полиморфные варианты и генотипы, которых оказывают прямое или косвенное влияние на реализацию признаков продуктивности свиней [Василюк О.Я. и др., 2014].

Повышение продуктивности является основной задачей племенной работы в свиноводстве. Одним из подходов для решения этой задачи является применение ДНК-маркеров для отбора особей, несущих желательные аллели и генотипы генов хозяйственно-ценных признаков [Леонова М.А. и др., 2015].

В данный момент выявлено множество таких генов маркеров, которые в большей или меньшей степени влияют на продуктивные качества свиней. Гены пролактинового и эстрогенового рецепторов (*PRLR* и *ESR*) связаны с репродуктивными функциями свиней, в частности с многоплодием свиноматок [Зиновьева Н.А., Эрнст Л.К., 2006] и со спермопродуктивностью хряков [Н.В. Лобан, Е.С. Гридюшко, 2011; Толоконцев А.И., 2011]. Другие гены, такие как ген рианодинового рецептора (*RYRI*) [Семенов В.В. и др., 2013; Смирнов Н.Н., 2013], лептина (*LEP*) [Perez-Montarelo D. et al., 2015], меланокортинового рецептора 4 (*MC4R*) [Tempfli K. et al., 2015] и белка, связывающего жирные кислоты (*H-FABP*) [Рыбалко В.П. и др., 2012] ассоциируются с ростом свиней и качеством их мяса.

Однако имеются исследования, которые свидетельствуют о том, что изучаемые гены, не только напрямую, но и косвенно связаны с хозяйственно-ценными признаками. Так ген *PRLR* у свиней, ответственный за воспроизводительные качества, влияет на ростовые и откормочные показатели [Tempfli K. et al., 2015], а гены мясной продуктивности у свиней *RYRI*, *LEP*, *MC4R* и *H-FABP*, оказывают действие на репродуктивные признаки [Гришина Н.Б., 2008; Епишко О.А. и др., 2009; Смирнов Н.Н., 2013; Wierzchowska A. et al., 2012; Зиннатова Ф.Ф. и др., 2015].

Степень её разработанности. Вопросом изучения аллельного полиморфизма генов маркеров и его влияние на продуктивные качества свиней разных пород и породности занимались отечественные и иностранные исследователи, такие как Леонова М.А. и др.; Михайлова М.Е., Романишко Е.Л.; Brkić A. et al. в 2014 г., Сердюк Г.Н. и др.; Mencik S. et al.; Skrzypczak E. et al.; Tempfli K. et al. в 2015 г.; Hunyadi-Bagi Á. et al. в 2016 г. – исследовали ген *PRLR*; Друшляк Н.Г.; Семенов В.В. и др. в 2014 г.; Максимов Г.В. и др.; Соколов Н.В. и др.; Ковальчук М.А. и др. в 2015 г. – исследовали ген *ESR*; Друшляк Н.Г. в 2014 г.; Гришкова А.П. и др. в 2015 г. – исследовали ген *RYRI*; Mankowska M. et al.; Park S.-J. et al.; Perez-Montarelo D. et al.; Tempfli K. et al. в 2015 г.; Hunyadi-Bagi Á. et al. в 2016 г. – исследовали ген *LEP*; Друшляк Н.Г.; Budimir K. et al. в 2014 г.; Nitipongsuwan S., Mekchay S.; Urban T., Cernoskova B. в 2015 г.; Mitka I. et al. в 2016 г. – исследовали ген *H-FABP*; Шаферівський Б.С.; Fontanesi L. et al.; Kang K. et al.; Schroyen M. et al.; Tempfli K. et al.; Urban T., Cernoskova B. в 2015 г. – исследовали ген *MC4R*.

Анализ генетической структуры генов *PRLR*, *ESR*, *RYRI*, *H-FABP*, *MC4R* и её влияния на воспроизводительные качества свиноматок крупной белой породы в Республике Татарстан провёл Нургалиев Ф.М. в 2013 г., позднее аналогичные исследования (только по

генам *ESR*, *RYR1*, *MC4R*) поставили Зиннатова Ф.Ф. и др. в 2015 г. Следует отметить, что ещё недостаточно раскрыт вопрос о влиянии генов *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *H-FABP*, *MC4R* на репродуктивные функции и мясную продуктивность помесных (йоркшир × ландрас) свиней. Также в условиях Республики Татарстан не изучался полиморфизм гена *LEP* у свиней, не проводилась проверка его ассоциации с хозяйственно-полезными признаками свиней.

Цель и задачи исследования. Целью настоящей работы является изучение на молекулярном уровне полиморфизма генов *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP* и *MC4R* у помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок, а также выявление ассоциации отдельных и комплексных генотипов с хозяйственно-ценными качествами свиней.

Для достижения цели были поставлены следующие задачи:

- апробировать и оптимизировать известные способы проведения ПЦР и ПЦР-ПДРФ для идентификации аллельных вариантов генов *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP* и *MC4R* у свиней;

- определить встречаемость отдельных и комплексных генотипов генов *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R* и их комбинаций *PRLR / ESR*, *RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R*, *PRLR / ESR / RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R* у померсных (йоркшир × ландрас) свиноматок;

- проанализировать хозяйственно-полезные признаки помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок с разными генотипами генов *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R* и их комбинаций *PRLR / ESR*, *RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R*, *PRLR / ESR / RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R*;

- оценить экономическую эффективность содержания помесных (йоркшир × ландрас) свиней с разными комбинациями комплексных генотипов *PRLR / ESR / RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R*.

Научная новизна работы. Апробированы и оптимизированы способы проведения ПЦР и ПЦР-ПДРФ для идентификации аллельных вариантов генов *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *H-FABP* и *MC4R* у свиней. Впервые изучен полиморфизм и определена встречаемость отдельных и комплексных генотипов генов *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R* и их комбинаций *PRLR / ESR*, *RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R*, *PRLR / ESR / RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R* у помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок Республики Татарстан. Изучены и проанализированы хозяйственно-полезные признаки (репродуктивные, ростовые и качества мяса) у помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок с разными генотипами генов *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R* и их комбинаций *PRLR / ESR*, *RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R*, *PRLR / ESR / RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R*.

Теоретическая и практическая значимость. Результаты анализа полиморфизма и определения встречаемости отдельных и комплексных генотипов генов *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R* у помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок Республики Татарстан является возможной основой для ведения племенной работы по обогащению поголовья свиней Республики Татарстан желательными аллелями генов продуктивности.

Апробированные и оптимизированные способы проведения ПЦР и ПЦР-ПДРФ для идентификации аллельных вариантов генов *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *H-FABP* и *MC4R* свиней позволяют повысить результативность их использования в ДНК-анализе этих генов.

Методология и методы исследования. В проведении исследования использовали зоотехнические методики постановки опыта и определяли показатели продуктивности свиней в соответствии с общепринятыми методиками. Для определения генотипов у животных использовали молекулярно-генетические методы. Расчёт количественных показателей осуществляли математическим и вариационно-статистическим методами.

Основные положения, выносимые на защиту.

- апробированные и оптимизированные нами известные способы проведения ПЦР и ПЦР-ПДРФ для идентификации аллельных вариантов генов *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *H-FABP* и *MC4R* у свиней позволяют достоверно определить аллели и генотипы.
- определена встречаемость отдельных и комплексных генотипов генов *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R* и их комбинаций *PRLR / ESR*, *RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R*, *PRLR / ESR / RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R* у помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок Республике Татарстан.
- показаны генотипы генов *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R* и их комбинаций *PRLR / ESR*, *RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R*, *PRLR / ESR / RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R*, связанные с более высокими продуктивными качествами помесных (йоркшир × ландрас) свиней.
- экономически эффективно проводить анализ помесных (йоркшир × ландрас) свиней по генам *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R*.

Степень достоверности и апробация результатов. Достоверность результатов исследований обеспечена использованием комплекса современных методов и соблюдением общепринятых методик проведения научно-производственных опытов.

Основные положения диссертации доложены, и в конечном получили положительную оценку на ежегодных отчётах кафедры технологии животноводства ФГБОУ ВО КГАВМ им. Н.Э. Баумана (Казань, 2014-2016 гг.); VIII всероссийской научно-практической конференции с международным участием «Молекулярная диагностика» (Москва, 2014); международной научно-практической конференции «Фундаментальные и прикладные проблемы повышения продуктивности животных и конкурентоспособности продукции животноводства в современных экономических условиях АПК РФ» (Ульяновск, 2015); международной научной конференции «Современные проблемы ветеринарной и аграрной науки и образования», посвящённой 150-летию образования Государственной ветеринарной службы России (Казань, 2016).

Публикация результатов исследования. По теме диссертации опубликовано 12 научных статей, в том числе 6 в ведущих рецензируемых журналах, рекомендованных ВАК Минобрнауки и науки РФ.

Объем и структура диссертационной работы. Диссертация изложена на 125 страницах, содержит 24 таблицы, 15 рисунков. Состоит из: введения, обзора литературы, материалов и методов исследования, результатов собственных исследований, обсуждения результатов исследований, заключения, выводов, предложения производству, списка использованной литературы (всего 161 источник, в том числе 79 иностранных) и 3 приложений.

2 ОСНОВНОЕ СОДЕРЖАНИЕ РАБОТЫ

2.1 Материалы и методы исследования

Исследования по теме диссертационной работы проводились 2014 по 2016 гг. в условиях кафедры технологии животноводства ФГБОУ ВО «Казанская государственная академия ветеринарной медицины имени Н.Э. Баумана», отдела вирусологии и генно-молекулярной диагностики ФГБУ «Татарская межрегиональная ветеринарная лаборатория» и КФХ «Пашков С.И.» Верхнеуслонского района Республики Татарстан. Научно-хозяйственные опыты поставлены согласно схеме исследования (рисунок 1).

Для определения у свиней генотипов и их комбинаций по генам *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R*, а также изучения у них продуктивных качеств в КФХ «Пашков С.И.»

были отобраны 115 помесные (йоркшир × ландрас) основные свиноматки. В дальнейшем у данного поголовья определили генотипы по генам *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R*, используя ДНК-тестирование, в частности методы ПЦР- и ПДРФ-анализа.

ДНК-тестирование аллельного полиморфизма помесных (йоркшир × ландрас) свиной по генам продуктивности

Объекты опытов: основные помесные (йоркшир × ландрас) свиноматки с разными генотипами *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R* (n = 115) в КФХ «Пашков С.И.»

Распределение свиноматок с учётом их генотипов *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *H-FABP*, *MC4R*, *LEP*

Группа	Группа	Группа	Группа	Группа	Группа
Генотипы <i>PRLR</i> (AA, AB, BB)	Генотипы <i>ESR</i> (WW, WM, MM)	Генотипы <i>RYR1</i> (NN, Nn, nn)	Генотипы <i>LEP</i> (CC, CT, TT)	Генотипы <i>H-FABP</i> (AA, AB, BB)	Генотипы <i>MC4R</i> (AA, AB, BB)

Показатели продуктивности свиноматок с разными генотипами и комбинациями генотипов *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *H-FABP*, *MC4R*, *LEP*

Длина тела в 100 кг живой массы, см; толщина шпика над 6-7 грудными позвонками при живой массе в 100 кг, мм; многоплодность, гол.; крупноплодность, кг; количество поросят при отъёме, гол.; средняя масса поросёнка при отъёме, кг; масса гнезда к моменту отъёма, кг; сохранность гнезда к моменту отъёма в 30 дн., %

Экономическое обоснование при использовании свиноматок с разными комбинациями генотипов *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R*

Рисунок 1 – Схема исследования

С учётом принципа аналогов [Овсянников А.И., 1976] были организованы группы, представленные основными помесными (йоркшир × ландрас) свиноматками с разными генотипами и комбинациями *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R*.

Для проведения исследований также использовали данные племенного и зоотехнического учётов в КФХ «Пашков С.И.».

В КФХ «Пашков С.И.» рационы кормления свиноматок составляются с учётом норм и рационов кормления сельскохозяйственных животных [Калашников А.П. и др., 2003]. В кормлении подсосных свиноматок КФХ «Пашков С.И.» использовали полнорационный комбикорм СПК-2-28.

Для начала молекулярно-генетических исследований индивидуально от каждого животного проводили забор крови из яремной вены при помощи вакуумной системы, включающей вакуумные пробирки с ЭДТА, держатели, иглы.

Экстракция ДНК из крови свиноматок осуществляли комбинированным щелочным способом [Т.М. Ахметов, С.В. Тюлькин, Ф.М. Нургалиев, 2011].

Анализ локуса гена *PRLR* при проведении ПЦР-ПДРФ. ПЦР проводили на программируемом термоциклере «Терцик» (Россия) в объеме 20 мкл, с использованием праймеров PRLR1: 5'-CGGCCGCAGAATCCTTGCTTGC-3' и PRLR2: 5'-

ACCCACCTTGTAACCCATCATCC-3' [Linville R.C. et al., 2001] для амплификации фрагмента гена *PRLR* длиной 161 п.н. Для определения аллельного полиморфизма гена *PRLR* по вариантам *A* и *B* 20 мкл ПЦР пробы обрабатывали 2 ед. эндонуклеазы рестрикции *AluI* в 1×буфере «Y» фирмы СибЭнзим (Россия) при 37⁰С в течение ночи. Для визуализации фрагментов ДНК пробы вносили в лунки 3% агарозного геля с содержанием этидия бромида (0,5 мкг/мл) и проводили горизонтальный электрофорез при 15 В/см в течение 40 мин в 1×ТВЕ буфере.

Анализ локуса гена *ESR* при проведении ПЦР-ПДРФ. ПЦР проводили на программируемом термоциклере «Терцик» (Россия) в объеме 20 мкл, с использованием праймеров ESR-F: 5'-CCCTCTATGACCTGCTGCTG-3' и ESR-R: 5'-TCAGATTGTGGTGGGGAAGTTC-3' [Kamiński S. et al., 2002] для амплификации фрагмента гена *ESR* длиной 185 п.о. Для определения аллельного полиморфизма гена *ESR* по вариантам *M* и *W* 20 мкл ПЦР пробы обрабатывали 10 ед. эндонуклеазы рестрикции *Ama87I* в 1×буфере «W» фирмы СибЭнзим (Россия) при 37⁰С в течение ночи. Для визуализации фрагментов ДНК пробы вносили в лунки 3% агарозного геля с содержанием этидия бромида (0,5 мкг/мл) и проводили горизонтальный электрофорез при 15 В/см в течение 40 мин в 1×ТВЕ буфере.

Анализ локуса гена *RYR1* при проведении ПЦР-ПДРФ. ПЦР проводили на программируемом термоциклере «Терцик» (Россия) в объеме 20 мкл, с использованием праймеров RYR1-F: 5'-CCACACCCTCCCCGCAAGTGC-3' и RYR1-R: 5'-GCCAGGGAGCAAGTTCTCAGTAAT-3' [Luerce T.D. et al., 2009] для амплификации фрагмента гена *RYR1* длиной 144 п.о. Для определения аллельного полиморфизма гена *RYR1* по вариантам *N* и *n* 20 мкл ПЦР пробы обрабатывали 5 ед. эндонуклеазы рестрикции *HspAI* в 1×буфере «Y» фирмы СибЭнзим (Россия) при 37⁰С в течение ночи. Для визуализации фрагментов ДНК пробы вносили в лунки 2,5-4% агарозного геля с содержанием этидия бромида (0,5 мкг/мл) и проводили горизонтальный электрофорез при 15 В/см в течение 50 мин в 1×ТВЕ буфере.

Анализ локуса гена *LEP* при проведении ПЦР-ПДРФ. ПЦР проводили на программируемом термоциклере «Терцик» (Россия) в объеме 20 мкл, с использованием праймеров LEPs-F и LEPs-R [Kulig H., Grzesiak W., Szatkowska I., 2001] для амплификации фрагмента гена *LEP* длиной 152 п.о. Для определения аллельного полиморфизма гена *LEP* по вариантам *C* и *T* 20 мкл ПЦР пробы обрабатывали 10 ед. эндонуклеазы рестрикции *HinfI* в 1×буфере «O» фирмы СибЭнзим (Россия) при 37⁰С в течение ночи. Для визуализации фрагментов ДНК пробы вносили в лунки 3% агарозного геля с содержанием этидия бромида (0,5 мкг/мл) и проводили горизонтальный электрофорез при 15 В/см в течение 40 мин в 1×ТВЕ буфере.

Анализ локуса гена *H-FABP* при проведении ПЦР-ПДРФ. ПЦР проводили на программируемом термоциклере «Терцик» (Россия) в объеме 20 мкл, с использованием праймеров H-FABP-F: 5'-ATTGCTTCGGTGTGTTTGAG-3' и H-FABP-R: 5'-TCAGGAATGGGAGTTATTGG-3' [Li C.L. et al., 2006] для амплификации фрагмента гена *H-FABP* длиной 800 п.о. Для определения аллельного полиморфизма гена *H-FABP* по вариантам *A* и *B* 20 мкл ПЦР пробы обрабатывали 10 ед. эндонуклеазы рестрикции *HaeIII* в 1×буфере «G» фирмы СибЭнзим (Россия) при 37⁰С в течение ночи. Для визуализации фрагментов ДНК пробы вносили в лунки 2% агарозного геля с содержанием этидия

бромид (0,5 мкг/мл) и проводили горизонтальный электрофорез при 15 В/см в течение 40 мин в 1×TBE буфере.

Анализ локуса гена *MC4R* при проведении ПЦР-ПДРФ. ПЦР проводили на программируемом термоциклере «Терцик» (Россия) в объеме 20 мкл, с использованием праймеров *MC4R-F*: 5'-TACCCTGACCATCTTGATTG-3' и *MC4R-R*: 5'-ATAGCAACAGATGATCTCTTTG-3' [Li C.L. et al., 2006] для амплификации фрагмента гена *MC4R* длиной 226 п.о. Для определения аллельного полиморфизма гена *MC4R* по вариантам *A* и *B* 20 мкл ПЦР пробы обрабатывали 20 ед. эндонуклеазы рестрикции *TagI* в 1×буфере «W» фирмы СибЭнзим (Россия) при 65 °С в течение ночи. Для визуализации фрагментов ДНК пробы вносили в лунки 2% агарозного геля с содержанием этидия бромида (0,5 мкг/мл) и проводили горизонтальный электрофорез при 15 В/см в течение 40 мин в 1×TBE буфере.

Встречаемость аллелей и генотипов *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *H-FABP*, *MC4R* и *LEP* определяли по формулам [Меркурьева Е.К., 1977; Алтухов Ю.П., 1989]: $p = n : N$ (1), где p – частота определения генотипа, n – количество особей, имеющих определённый генотип, N – число особей. Частоту отдельных аллелей определяли по формулам: $p_A = (2nAA + nAB) : 2N$ (2) и $q_B = (2nBB + nAB) : 2N$ (3), где p_A – частота аллеля *A*, q_B – частота аллеля *B*, N – общее число аллелей.

Ожидаемая и наблюдаемая частота встречаемости генотипов в исследуемой популяции помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок КФХ «Пашков С.И.» рассчитана с учётом закона Харди-Вайнберга [Меркурьева Е.К., 1977; Петухов В.Л. и др., 1996]. Для этого провели оценку избытка гетерозигот в изученной выборке свиней методом Хи-квадрат (χ^2) по формуле: $\chi^2 = \sum(H - O)^2 : O$ (4), где H – наблюдаемая встречаемость генотипов, O – ожидаемая встречаемость генотипов.

Причём ожидаемая встречаемость генотипов (O), рассчитывалась по формуле [Айала Ф., 1984]: $O = 1 - (p_A^2 + q^2)$ (5), где p_A – частота аллеля *A*, q_B – частота аллеля *B*.

Толщину подкожного свиного сала определяли с помощью прибора – шпикомер «Renco».

Другие показатели продуктивности свиноматок с разными генотипами и комбинациями *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, и *MC4R*, такие как длина тела в 100 кг живой массы, см; многоплодность, гол.; крупноплодность, кг; количество поросят при отъёме, гол.; средняя масса поросёнка при отъёме, кг; масса гнезда к моменту отъёма, кг; сохранность гнезда к моменту отъёма в 30 дн., % определяли по общепринятым методикам.

Оценку экономической эффективности содержания помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок с разными комбинациями генотипов генов *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R* осуществляли по методическим рекомендациям Шмакова Ю.И. и др. [Шмаков Ю.И., Комаров Л.Л., Черкаев Н.В., 1984], при этом учитывали методику расчёта фактической стоимости поросят на день вынужденного убоя, в нашем случае на день отъёма молодняка от матерей [Никитин И.Н., Апалькин В.А., 2006]. Применяли следующие формулы: $\mathcal{E} = \mathcal{C} \times \mathcal{P} \times \mathcal{L} \times \mathcal{K} / 100$ (6), где \mathcal{E} – экономическая эффективность, руб.; \mathcal{C} – цена 1 кг живой массы свиней, руб. (по Республике Татарстан она в среднем составляет – 120 руб.); \mathcal{C} – базовый вариант (расчётная живая масса поросят при рождении + расчётная живая масса поросят к моменту отъёма в 30 дн., в нашем случае масса гнезда к моменту отъёма поросят в возрасте 30 дн. от 1 свиноматки с комбинацией генотипов *PRLR / ESR / RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R BBWWNNTTAABB*), кг; \mathcal{P} – прибавка основной продукции, %;

Л – постоянный коэффициент уменьшения результата, связанный с дополнительными затратами на прибавочную продукцию, равный 0,75; К – количество животных. $У1 = М \times (Сп + ВпТЦ)$ (7), где У1 – фактическая стоимость поросят на день вынужденного убоя, в нашем случае в момент отъёма поросят в возрасте 30 дн., руб.; М – количество убитых животных, в нашем случае количество поросят в момент отъёма в возрасте 30 дн.; Сп – стоимость поросёнка при рождении от основной свиноматки (методика её определения показана ниже), руб.; Вп – среднесуточный прирост живой массы поросят, кг; Т – возраст вынужденно убитого животного, в нашем случае в момент отъёма поросят в возрасте 30 дн., дн.; Ц – цена реализации 1 кг живой массы свиней. $Сп = 10,9 \times Ц$ (8), где Сп – стоимость поросёнка при рождении от основной свиноматки; 10,9 – прирост живой массы свиноматки, который можно получить при использовании кормов, расходуемых на образование одного поросёнка, кг; Ц – цена 1 кг живой массы свиней.

Полученные в ходе исследований данные статистически обработаны биометрическим методом [Меркурьева Е.К., 1977] в компьютерной программе «Microsoft Excel». Достоверность полученных результатов подтверждена с учётом критерия Стьюдента.

2.2 Результаты собственных исследований

2.2.1 Апробация и оптимизация известного способа проведения ПЦР и ПЦР-ПДРФ для идентификации аллельных вариантов гена *PRLR* у свиней

Для оценки качества работы известного протокола по генотипированию свиней по гену *PRLR* нами была протестирована серия олигонуклеотидных праймеров: PRLR1: 5'-CGGCCGCAGAATCCTGCTTGC-3' и PRLR2: 5'-ACCCACCTTGTAACCCATCATCC-3' [Linville R.C. et al.] по усовершенствованной нами технике ПЦР-ПДРФ. Праймеры PRLR1+PRLR2 инициируют амплификацию фрагмента гена *PRLR* свиней длиной 161 bp, а ПДРФ-*AluI* профиль (AA=126/35 bp, BB=91/35 bp и AB=126/91/35 bp) идентифицирует его генотипы (рисунок 2).

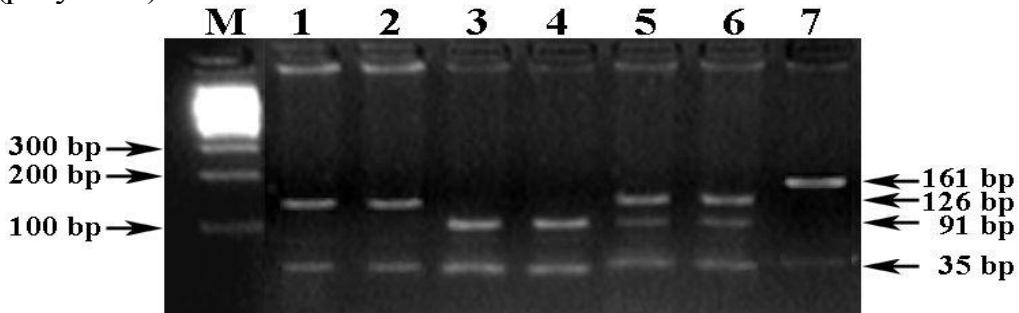


Рисунок 2 – Электрофореграмма результата ПЦР-ПДРФ гена *PRLR* с праймерами PRLR1+PRLR2 и эндонуклеазным расщеплением ферментом *AluI*
 Обозначения: М) ДНК-маркеры 100 bp (СибЭнзим); 1-2) генотип AA (126/35 bp); 3-4) генотип BB (91/35 bp); 5-6) генотип AB (126/91/35), 7) цельный ПЦР-продукт гена *PRLR* (161 bp).

Полученные результаты ПЦР гена *PRLR* свиней с праймерами PRLR1+PRLR2 и в дальнейшем проведение ПДРФ являются удовлетворительными в плане воспроизводимости и идентификации генотипов.

2.2.2 Апробация и оптимизация известного способа проведения ПЦР и ПЦР-ПДРФ для идентификации аллельных вариантов гена *ESR* у свиней

Для оценки качества работы известного протокола по генотипированию свиней по гену *ESR* нами была протестирована серия олигонуклеотидных праймеров: ESR-F: 5'-CCCTCTATGACCTGCTGCTG-3' и ESR-R: 5'-TCAGATTGTGGTGGGAAGTTC-3'

[Kamiński S. et al.] по усовершенствованной нами технике ПЦР и ПЦР-ПДРФ. Праймеры ESR-F+ESR-R инициируют амплификацию фрагмента гена *ESR* свиней длиной 185 bp, а ПДРФ-*Ama87I* профиль ($MM=76/62/47$ bp, $WW=109/76$ bp и $MW=109/76/62/47$ bp) идентифицирует его генотипы (рисунок 3).

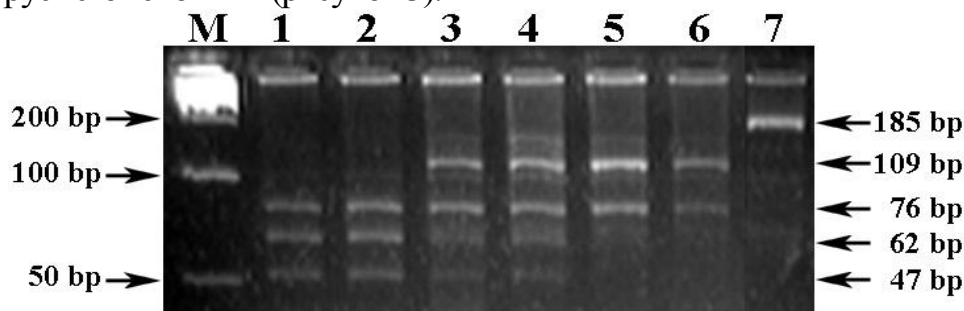


Рисунок 3 – Электрофореграмма результата ПЦР-ПДРФ гена *ESR* с праймерами ESR-F+ESR-R и эндонуклеазным расщеплением ферментом *Ama87I*

Обозначения: М) ДНК-маркеры 100 bp (СибЭнзим); 1-2) генотип *MM* (76/62/47 bp); 3-4) генотип *MW* (109/76/62/47); 5-6) генотип *WW* (109/76 bp); 7) цельный ПЦР-продукт гена *ESR* (185 bp).

Полученные результаты ПЦР гена *ESR* свиней с праймерами ESR-F+ESR-R и в дальнейшем проведение ПДРФ являются удовлетворительными в плане воспроизводимости и идентификации генотипов.

2.2.3 Апробация и оптимизация известного способа проведения ПЦР и ПЦР-ПДРФ для идентификации аллельных вариантов гена *RYR1* у свиней

Для оценки качества работы известного протокола по генотипированию свиней по гену *RYR1* нами была протестирована серия олигонуклеотидных праймеров: RYR1-F: 5'-CCACACCCTCCCCGCAAGTGC-3' и RYR1-R: 5'-GCCAGGGAGCAAGTTCTCAG TAAT-3' [Luerce T.D. et al.]. Праймеры RYR1-F+RYR1-R инициируют амплификацию фрагмента гена *RYR1* свиней длиной 144 bp, а *RYR1*-ПДРФ-*HspAI*-профиль здоровых животных = 102/42 bp (генотип *NN*) (рисунок 4), больных животных = 144 bp (генотип *nn*), а животных-носителей мутантного аллеля *n* гена *RYR1* = 144/102/42 bp.

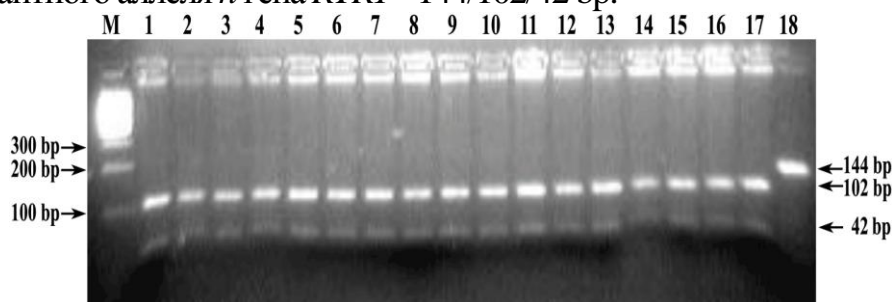


Рисунок 4 – Электрофореграмма результата ПЦР-ПДРФ гена *RYR1* с праймерами RYR1-F+RYR1-R и эндонуклеазным расщеплением *HspAI*

Обозначения: М) ДНК-маркеры 1500-100 bp (СибЭнзим); 1-17) генотип *NN* (102/42 bp); 18) цельный ПЦР-фрагмент гена *RYR1* (144 bp).

Полученные результаты ПЦР гена *RYR1* свиней с праймерами RYR1-F+RYR1-R и в дальнейшем проведение ПДРФ также являются удовлетворительными в плане воспроизводимости и идентификации генотипов.

2.2.4 Апробация и оптимизация известного способа проведения ПЦР и ПЦР-ПДРФ для идентификации аллельных вариантов гена *LEP* у свиней

Для оценки качества работы известного протокола по генотипированию свиней по гену *LEP* нами была протестирована серия олигонуклеотидных праймеров: LEPs-F: 5'-

TGCAGTCTGTCTCCTCCAAA-3' и LEPs-R: 5'-CGATAATTGGATCACATTTCTG-3' [Kulig H., Grzesiak W., Szatkowska I., 2001] по усовершенствованной нами технике ПЦР и ПЦР-ПДРФ. Праймеры LEPs-F+LEPs-R инициируют амплификацию фрагмента гена *LEP* свиней длиной 152 bp, а ПДРФ-*HinfI* профиль (CC=84/68 bp, TT=152 bp и CT=152/84/68 bp) идентифицирует его генотипы (рисунок 5).

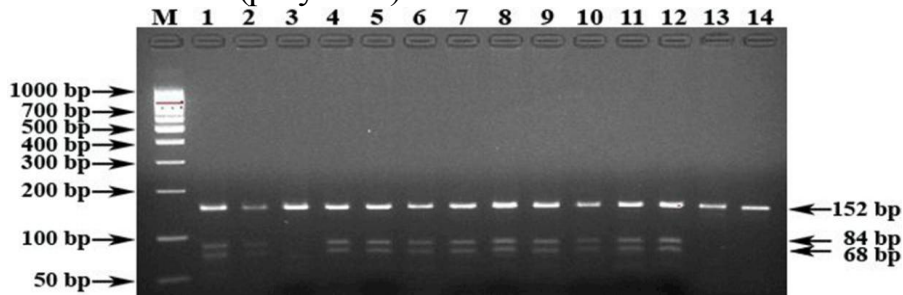


Рисунок 5 – Электрофореграмма результата ПЦР-ПДРФ гена *LEP* с праймерами LEPs-F+LEPs-R и эндонуклеазным расщеплением ферментом *HinfI*

Обозначения: М) ДНК-маркеры 100 bp (СибЭнзим); 1-2, 4-12) генотип *CT* (152/84/68); 3, 13) генотип *TT* (152 bp); 14) цельный ПЦР-продукт гена *LEP* (152 bp).

Полученные результаты ПЦР гена *LEP* свиней с праймерами LEPs-F+LEPs-R и в дальнейшем проведение ПДРФ являются удовлетворительными в плане воспроизводимости и идентификации генотипов.

2.2.5 Апробация и оптимизация известного способа проведения ПЦР и ПЦР-ПДРФ для идентификации аллельных вариантов гена *H-FABP* у свиней

Для оценки качества работы известного протокола по генотипированию свиней по гену *H-FABP* нами была протестирована серия олигонуклеотидных праймеров H-FABP-F: 5'-ATTGCTTCGGTGTGTTTGAG-3' и H-FABP-R: 5'-TCAGGAATGGGAGTTATTGG-3' [Li S.L. et al.] по усовершенствованной нами технике ПЦР и ПЦР-ПДРФ. Праймеры H-FABP-F+H-FABP-R инициируют амплификацию фрагмента гена *H-FABP* свиней длиной 800 bp, а ПДРФ-*HaeIII* профиль (AA=683/117 bp, BB=405/278/117 bp и AB=683/405/278/117 bp) идентифицирует его генотипы (рисунок 6).

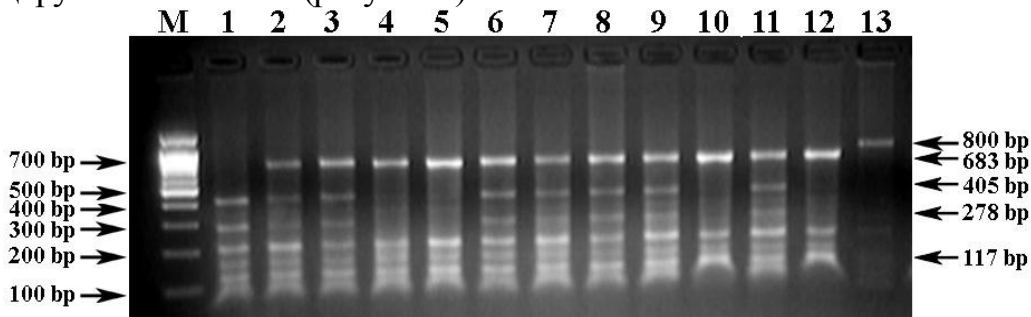


Рисунок 6 – Электрофореграмма результата ПЦР-ПДРФ гена *H-FABP* с праймерами H-FABP-F+H-FABP-R и эндонуклеазным расщеплением ферментом *HaeIII*

Обозначения: М) ДНК-маркеры 100 bp (СибЭнзим); 1) генотип *BB* (405/278/117 bp); 2-3, 6-9, 11) генотип *AB* (683/405/278/117 bp); 4-5, 10, 12) генотип *AA* (683/117), 13) цельный ПЦР-продукт гена *H-FABP* (800 bp).

Полученные результаты ПЦР гена *H-FABP* свиней с праймерами H-FABP-F+H-FABP-R и в дальнейшем проведение ПДРФ являются удовлетворительными в плане воспроизводимости и идентификации генотипов.

2.2.6 Апробация и оптимизация известного способа проведения ПЦР и ПЦР-ПДРФ для идентификации аллельных вариантов гена *MC4R* у свиней

Для оценки качества работы известного протокола по генотипированию свиней по гену *MC4R* нами была протестирована серия олигонуклеотидных праймеров: *MC4R-F*: 5'-TACCCTGACCATCTTGATTG-3' и *MC4R-R*: 5'-ATAGCAACAGATGATCTCTTTG-3' [Li C.L. et al.] по усовершенствованной нами технике ПЦР и ПЦР-ПДРФ. Праймеры *MC4R-F*+*MC4R-R* инициируют амплификацию фрагмента гена *MC4R* свиней длиной 226 bp, а ПДРФ-*TaqI* профиль (*AA*=226 bp, *BB*=156/70 bp и *AB*=226/156/70 bp) идентифицирует его генотипы (рисунок 7).

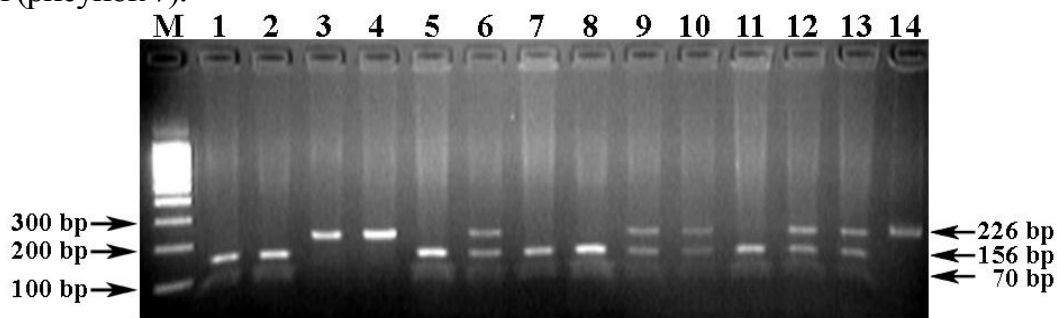


Рисунок 7 – Электрофореграмма результата ПЦР-ПДРФ гена *MC4R* с праймерами *MC4R-F*+*MC4R-R* и эндонуклеазным расщеплением ферментом *TaqI*
Обозначения: М) ДНК-маркеры 100 bp (СибЭнзим); 1-2, 5, 7-8, 11) генотип *BB* (156/70 bp); 3-4) генотип *AA* (226 bp); 6, 9-10, 12-13) генотип *AB* (226/156/70); 14) цельный ПЦР-продукт гена *MC4R* (226 bp).

Полученные результаты ПЦР гена *MC4R* свиней с праймерами *MC4R-F*+*MC4R-R* и в дальнейшем проведение ПДРФ являются удовлетворительными в плане воспроизводимости и идентификации генотипов.

2.2.7 Генетический полиморфизм гена *PRLR* у свиноматок

Исследования на молекулярном уровне выборки из 115 помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок показали, что распределение по встречаемости генотипов и аллелей гена *PRLR* было следующим: *PRLR AA*-генотипа – 61 (53,0%), *PRLR AB*-генотипа – 39 (33,9%), *PRLR BB*-генотипа – 15 (13,1%), *PRLR A*-аллеля – 0,70, *PRLR B*-аллеля – 0,30 соответственно (таблица 1).

Таблица 1 – Частота встречаемости аллелей и генотипов по гену *PRLR* у свиней

Показатели	n	Частота встречаемости						χ^2		
		генотипов				аллелей				
		<i>AA</i>		<i>AB</i>		<i>BB</i>			<i>A</i>	<i>B</i>
по гену <i>PRLR</i>	115	n	%	n	%	n	%	0,70	0,30	2,13
Н		61	53,0	39	33,9	15	13,1			
О		56	48,7	48	41,7	11	9,6			

Н – наблюдаемая встречаемость генотипов, О – ожидаемая встречаемость генотипов

Анализ встречаемости разных аллелей и генотипов гена *PRLR* по *AluI*-маркеру показал, что в изученной группе помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок преобладал *A*-аллель и гомозиготный генотип *AA*. С учётом закона Харди-Вайнберга и показателя хи-квадрат (χ^2) доказано, что генетическое равновесие по гену *PRLR* соблюдается.

2.2.8 Генетический полиморфизм гена *ESR* у свиноматок

Исследования на уровне ДНК выборки из 115 помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок показали, что распределение по встречаемости генотипов и аллелей гена *ESR*

было следующим: *ESR WW*-генотипа – 79 (68,7%), *ESR WM*-генотипа – 32 (27,8%), *ESR MM*-генотипа – 4 (3,5%), *ESR W*-аллеля – 0,83, *ESR M*-аллеля – 0,17 соответственно (таблица 2).

Таблица 2 – Частота встречаемости генотипов и аллелей гена *ESR* у свиней

Показатели	n	Частота встречаемости						χ^2		
		генотипов				аллелей				
		<i>WW</i>		<i>WM</i>		<i>MM</i>			<i>W</i>	<i>M</i>
по гену <i>ESR</i>	115	n	%	n	%	n	%	0,83	0,17	0,03
Н		79	68,7	32	27,8	4	3,5			
О		79	68,7	33	28,7	3	2,6			

Н – наблюдаемая встречаемость генотипов, О – ожидаемая встречаемость генотипов

Анализ встречаемости разных аллелей и генотипов гена *ESR* по *Ama87I*-маркеру показал, что в изученной группе помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок преобладал *W*-аллель и гомозиготный генотип *WW*. С учётом закона Харди-Вайнберга и показателя хи-квадрат (χ^2) доказано, что генетическое равновесие по гену *ESR* соблюдается.

2.2.9 Генетический полиморфизм гена *RYRI* у свиноматок

Исследования на уровне генома выборки из 115 помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок показали, что распределение по встречаемости генотипов и аллелей гена *RYRI* было следующим: *RYRI NN*-генотип – 115 (100,0%) и *RYRI N*-аллель – 1,0 соответственно.

Анализ встречаемости разных аллелей и генотипов гена *RYRI* по *HspAI*-маркеру показал, что в изученной группе помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок был только *N*-аллель и гомозиготный генотип *NN*.

2.2.10 Генетический полиморфизм гена *LEP* у свиноматок

Исследования на уровне последовательности ДНК выборки из 115 помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок показали, что распределение по встречаемости генотипов и аллелей гена *LEP* было следующим: *LEP TT*-генотипа – 12 (10,4%), *LEP CT*-генотипа – 103 (89,6%), *LEP T*-аллеля – 0,55, *LEP C*-аллеля – 0,45 соответственно (таблица 3).

Таблица 3 – Частота встречаемости генотипов и аллелей гена *LEP* у свиней

Показатели	n	Частота встречаемости						χ^2		
		генотипов				аллелей				
		<i>TT</i>		<i>CT</i>		<i>CC</i>			<i>T</i>	<i>C</i>
по гену <i>LEP</i>	115	n	%	n	%	n	%	0,55	0,45	52,2***
Н		12	10,4	103	89,6	0	0			
О		35	30,4	56	48,7	23	20,9			

Н – наблюдаемая встречаемость генотипов, О – ожидаемая встречаемость генотипов, при *** – $P < 0,001$

Анализ встречаемости разных аллелей и генотипов гена *LEP* по *Hinfl*-маркеру показал, что в изученной группе помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок преобладал *T*-аллель и гомозиготный генотип *TT*. С учётом закона Харди-Вайнберга и показателя хи-квадрат (χ^2) доказано, что генетическое равновесие по гену *LEP* достоверно смещено в сторону генотипа *TT*.

2.2.11 Генетический полиморфизм гена *H-FABP* у свиноматок

Исследования нуклеотидной последовательности выборки из 115 помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок показали, что распределение по встречаемости генотипов

и аллелей гена *H-FABP* было следующим: *H-FABP AA*-генотипа – 21 (18,3%), *H-FABP AB*-генотипа – 30 (26,1%), *H-FABP BB*-генотипа – 64 (55,6%), *H-FABP A*-аллеля – 0,31, *H-FABP B*-аллеля – 0,69 соответственно (таблица 4).

Таблица 4 – Частота встречаемости генотипов и аллелей гена *H-FABP* у свиней

Показатели	n	Частота встречаемости						χ^2		
		генотипов				аллелей				
		<i>AA</i>		<i>AB</i>		<i>BB</i>			<i>A</i>	<i>B</i>
по гену <i>H-FABP</i>	n	%	n	%	n	%				
Н	115	21	18,3	30	26,1	64	55,6	0,31	0,69	16,5***
О		11	9,6	49	42,6	55	47,8			

Н – наблюдаемая встречаемость генотипов, О – ожидаемая встречаемость генотипов, при *** – $P < 0,001$

Анализ встречаемости разных аллелей и генотипов гена *H-FABP* по *HaeIII*-маркеру показал, что в изученной группе помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок преобладал *B*-аллель и гомозиготный генотип *BB*. С учётом закона Харди-Вайнберга и показателя хи-квадрат (χ^2) доказано, что равновесие по гену *H-FABP* достоверно смещено в сторону генотипа *BB*.

2.2.12 Генетический полиморфизм гена *MC4R* у свиноматок

Исследования методом ПЦР-анализа выборки из 115 помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок показали, что распределение по встречаемости генотипов и аллелей гена *MC4R* было следующим: *MC4R AA*-генотипа – 7 (6,1%), *MC4R AB*-генотипа – 56 (48,7%), *MC4R BB*-генотипа – 52 (45,2%), *MC4R A*-аллеля – 0,30, *MC4R B*-аллеля – 0,70 соответственно (таблица 5).

Таблица 5 – Частота встречаемости генотипов и аллелей гена *MC4R* у свиней

Показатели	n	Частота встречаемости						χ^2		
		генотипов				аллелей				
		<i>AA</i>		<i>AB</i>		<i>BB</i>			<i>A</i>	<i>B</i>
по гену <i>MC4R</i>	n	%	n	%	n	%				
Н	115	7	6,1	56	48,7	52	45,2	0,30	0,70	2,23
О		10	8,7	48	41,7	57	49,6			

Н – наблюдаемая встречаемость генотипов, О – ожидаемая встречаемость генотипов

Анализ встречаемости разных аллелей и генотипов гена *MC4R* по *TaqI*-маркеру показал, что в изученной группе помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок преобладал *B*-аллель и гомозиготный генотип *AB*. С учётом закона Харди-Вайнберга и показателя хи-квадрат (χ^2) доказано, что генетическое равновесие по гену *MC4R* соблюдается.

2.2.13 Встречаемость комплексных генотипов генов *PRLR* и *ESR*, ассоциирующихся с репродуктивными функциями у свиней

Исследования методом ПЦР-анализа выборки из 115 помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок показали, что в данной популяции встречалось 7 комбинаций генотипов генов *PRLR* и *ESR*. Среди 115 особей обладали комбинацией генотипов *PRLR/ESR ABWW* – 36 (31,30%) свиноматок, *PRLR/ESR AAWW* – 30 (26,09%), *PRLR/ESR AAWM* – 27 (23,48%), *PRLR/ESR BBWW* – 13 (11,30%), *PRLR/ESR AAMM* – 4 (3,48%), *PRLR/ESR ABWM* – 3 (2,61%) и *PRLR/ESR BBWM* – 2 (1,74%) животных соответственно. Благодаря проведённым исследованиям показано, что наибольшая встречаемость комбинаций генотипов *PRLR / ESR*, ассоциирующихся с репродуктивными функциями у свиней, характерна для

свиноматок трёх комбинаций *PRLR/ESR ABWW*, *PRLR/ESR AAWW*, *PRLR/ESR AAWM*, что в общем составляет 80,87% от поголовья изучаемой популяции. Причём такие комбинации, как *PRLR/ESR ABMM* и *PRLR/ESR BBMM* у изучаемых животных вообще не встречались, это связано с небольшим количеством особей с генотипом *MM* гена *ESR*.

2.2.14 Встречаемость комплексных генотипов генов *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R*, влияющих на ростовые показатели свиней и качество мяса

Исследования методом ПЦР-анализа выборки из 115 помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок показали, что в данной популяции встречалось 13 комбинаций генотипов генов *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R*. Среди 115 особей обладали комбинацией генотипов *RYR1/LEP/H-FABP/MC4R NNCTBBBB* – 34 (29,57%) свиноматок, *RYR1/LEP/H-FABP/MC4R NNCTBBAB* – 30 (26,09%), *RYR1/LEP/H-FABP/MC4R NNCTABAB* – 21 (18,26%), *RYR1/LEP/H-FABP/MC4R NNCTAABB* – 7 (6,09%), *RYR1/LEP/H-FABP/MC4R NNTTAABB* и *RYR1/LEP/H-FABP/MC4R NNCTABBB* по 5 (4,34%), *RYR1/LEP/H-FABP/MC4R NNTTAAAA* – 4 (3,48%), *RYR1/LEP/H-FABP/MC4R NNCTAAAB* – 3 (2,61%), *RYR1/LEP/H-FABP/MC4R NNCTABAA* – 2 (1,74%), *RYR1/LEP/H-FABP/MC4R NNTTAAAB*, *RYR1/LEP/H-FABP/MC4R NNTTABAB*, *RYR1/LEP/H-FABP/MC4R NNTTABBB* и *RYR1/LEP/H-FABP/MC4R NNCTAAAA* по 1 (0,87) животным соответственно. Благодаря проведённым исследованиям показано, что наибольшая встречаемость комбинаций генотипов *RYR1/LEP/H-FABP/MC4R*, ассоциирующихся с ростовыми показателями свиней и качеством мяса, характерна для свиноматок трёх комбинаций *RYR1/LEP/H-FABP/MC4R NNCTABAB*, *RYR1/LEP/H-FABP/MC4R NNCTBBAB*, *RYR1/LEP/H-FABP/MC4R NNCTBBBB*, что в общем составляет 73,92% от поголовья изучаемой популяции.

2.2.15 Встречаемость комплексных генотипов генов *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R*, связанных с продуктивностью свиней

Исследования методом ПЦР-анализа выборки из 115 помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок показали, что в данной популяции встречалось 33 комбинаций генотипов всех изучаемых генов *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R*. Среди 115 особей обладали комбинацией генотипов *PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R*: *AAWWNNCTBBBB* – 17 (14,78%) свиноматок, *ABWWNNCTBBAB* – 13 (11,30%), *AAWMNNCTBBAB* – 11 (9,56%), *AAWMNNCTABAB* – 8 (6,96%), *AAWWNNCTABAB*, *AAWMNNCTBBBB*, *ABWWNNCTABAB* по 6 (5,22%), *ABWWNNCTBBBB*, *BBWWNNCTAABB* по 5 (4,34%), *ABWWNNTTAAAA* – 4 (3,48%), *AAWWNNCTABBB*, *AAWWNNCTBBAB*, *AAMMNNCTBBBB* по 3 (2,61%), *ABWWNNTTAABB*, *ABWWNNCTAAAB*, *ABWWNNCTAABB*, *BBWWNNTTAABB*, *BBWWNNCTBBBB* по 2 (1,74%), *AAWWNNCTABAA*, *AAWMNNTTAABB*, *AAWMNNCTAAAB*, *AAMMNNCTABBB*, *ABWWNNTTAAAB*, *ABWWNNCTABAA*, *ABWMNNCTABBB*, *ABWMNNCTBBAB*, *ABWMNNCTBBBB*, *BBWWNNTTABBB*, *BBWWNNCTAAAA*, *BBWWNNCTABAB*, *BBWWNNCTBBAB*, *BBWMNNTTABAB*, *BBWMNNCTBBAB* по 1 (0,87%) животным соответственно. Благодаря проведённым исследованиям показано, что наибольшая встречаемость комбинаций генотипов *PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R*, связанных с продуктивностью свиней, характерна для свиноматок трёх комбинаций *AAWWNNCTBBBB*, *ABWWNNCTBBAB*, *AAWMNNCTBBAB*, что в общем составляет 35,64% от поголовья изучаемой популяции.

2.2.16 Хозяйственно-полезные признаки свиноматок с разными генотипами гена *PRLR*

Сравнительные исследования свиноматок с разными генотипами *PRLR* показали, что по толщине шпика над 6-7 грудными позвонками животные практически не отличались, этот показатель составил 16,93-17,18 мм, при этом наименьшая толщина шпика отмечена у свиной с генотипом *BB* гена *PRLR*. Также животные с разными генотипами *PRLR* практически не отличались по длине тела, при этом разница по этому показателю составила 0,1-0,4 см. По многоплодию выгодно отличались особи, несущие в своём геноме *A*-аллель гена *PRLR* (10,89-12,63 поросят), они превосходили сверстниц с генотипом *BB* по этому показателю на 1,93-3,67 голов ($P < 0,001$). Однако при рождении более крупные были поросята, несущие в своём геноме *B*-аллель гена *PRLR* (1,09-1,12 кг), которые выгодно отличались по этому показателю от аналогов с генотипом *AA* на 0,06-0,09 кг ($P < 0,05$). По количеству поросят и по массе гнезда при отъёме имели превосходство животные с генотипами *AA* (10,75 голов и 71,91 кг масса гнезда) и *AB* (9,29 голов и 64,85 кг масса гнезда), что несколько выше, чем у аналогов с генотипом *BB* на 1,38-2,84 голов ($P < 0,001$) и 8,36-15,42 кг массы гнезда ($P < 0,01-0,001$) соответственно. Сохранность гнезда к моменту отъёма в возрасте 30 дн. с разными генотипами по гену *PRLR* уменьшалось в следующем порядке $BB > AB > AA$, причём межгрупповая разница по этому показателю была недостоверной. В сравнительном аспекте анализ помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок с разными генотипами *PRLR* показал, что откормочные и ростовые показатели животных практически не отличаются. Однако результаты исследований также показали, что по репродуктивным качествам положительно выделялись свиноматки, несущие в своём геноме *A*-аллель гена *PRLR* по сравнению с самками с генотипом *BB* гена *PRLR*.

2.2.17 Хозяйственно-полезные признаки свиноматок с разными генотипами гена *ESR*

Сравнительные исследования свиноматок с разными генотипами *ESR* не выявили явных различий по толщине шпика над 6-7 грудными позвонками среди животных; наименьшую толщину шпика имели матки с генотипом *MM*. Схожая картина была и по длине туловища, данный показатель был в пределах 114,5-115,3 см. По многоплодию более высокие показатели у самок, несущих в своём геноме *M*-аллель гена *ESR* (12,00-12,20 поросят), превосходство над аналогами с генотипом *WW* по этому показателю составило 0,65 и 0,85 голов ($P < 0,05$). При рождении более массивные были поросята, несущие в своём геноме *W*-аллель гена *ESR* (1,03-1,08 кг), которые тяжелее по этому показателю поросят от свиноматок с генотипом *MM* на 0,07-0,12 кг. Более высокие показатели по количеству поросят, по массе гнезда и сохранности гнезда при отъёме имели самки с генотипами *WM* (10,71 голов, 72,70 кг масса гнезда и 89,88%) и *MM* (11,50 голов, 74,65 кг масса гнезда и 94,34%), что выше, чем у сверстниц с генотипом *WW* на 1,25-2,04 поросёнка ($P < 0,001$), 7,66-9,61 кг массы гнезда ($P < 0,001$) и 5,24-9,70% сохранности гнезда соответственно. В сравнительном аспекте анализ помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок с разными генотипами *ESR* показал, что откормочные и ростовые показатели животных практически не отличаются. Однако результаты исследований также показали, что по репродуктивным качествам положительно выделялись свиноматки, несущие в своём геноме *M*-аллель гена *ESR* по сравнению с самками с генотипом *WW* гена *ESR*.

2.2.18 Хозяйственно-полезные признаки свиноматок с разными генотипами гена *RYR1*

В популяции из 115 свиноматок выявлен только один из трёх генотипов по гену *RYR1*, то есть все особи были полиморфны и обладали *NN* генотипом. Исследования свиноматок с гомозиготным *NN* генотипом *RYR1* показали, что толщина шпика над 6-7 грудными позвонками у маток составила 17,17 мм, длина туловища – 115,0 см, многоплодие – 11,56 поросят, крупноплодность поросят – 1,06 кг, количество поросят и масса гнезда при отъёме – 9,88 поросят и 67,50 кг, средняя масса поросёнка при отъёме – 6,86 кг и сохранность гнезда при отъёме в 30 дн. – 86,44%, соответственно. Анализ помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок с разными генотипами *RYR1* показал, что у представленных животных с *NN* генотипом по гену *RYR1* откормочные, ростовые и репродуктивные качества находятся на среднем уровне и соответствуют средним по стаду.

2.2.19 Хозяйственно-полезные признаки свиноматок с разными генотипами гена *LEP*

Сравнительные исследования свиноматок с разными генотипами *LEP* показали, что по толщине шпика над 6-7 грудными позвонками выгодно отличались животные с генотипом *CT* по гену *LEP* (17,24 мм), что выше, чем у сверстниц с генотипом *TT* на 0,66 мм ($P < 0,01$). Тогда как длине тела свиноматки с разными генотипами *LEP* имели незначительное различие, разница при этом составила 0,2 см. По многоплодию превосходство имели особи с генотипом *CT* гена *LEP* (11,83 поросят), они превосходили аналогов с генотипом *TT* по этому показателю на 2,62 голов ($P < 0,001$). Однако при рождении более крупные были поросята от матерей с генотипом *TT* гена *LEP* (1,15 кг), которые были массивнее аналогов от матерей с генотипом *CT* на 0,10 кг ($P < 0,01$). По количеству поросят и по массе гнезда при отъёме имели превосходство животные с генотипом *CT* (10,07 голов и 68,46 кг масса гнезда), что несколько выше, чем у аналогов с генотипом *TT* на 1,82 голов ($P < 0,001$) и 9,21 кг массы гнезда ($P < 0,001$) соответственно. Сохранность гнезда к моменту отъёма в возрасте 30 дн. с разными генотипами по гену *LEP* уменьшалось в следующем порядке $TT > CT$, причём межгрупповая разница по этому показателю была недостоверной. В сравнительном аспекте анализ помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок с разными генотипами *LEP* показал, что по откормочным и репродуктивным качествам выгодно отличались животные с генотипом *CT*. Однако результаты исследований также показали, что по ростовым показателям животные с генотипами *TT* и *CT* гена *LEP* практически не различались.

2.2.20 Хозяйственно-полезные признаки свиноматок с разными генотипами гена *H-FABP*

Сравнительные исследования свиноматок с разными генотипами *H-FABP* показали, что по толщине шпика над 6-7 грудными позвонками и по длине тела животные выгодно отличались животные с генотипами *AB*, *BB* (16,57-17,69 мм и 114,97-115,08 см), которые превосходили аналогов с генотипом *AA* на 0,09-1,22 мм и 0,2-0,3 см, соответственно. Причём достоверная ($P < 0,001$) разница выявлена между животными с генотипами *BB* и *AA* по толщине шпика. По многоплодию выгодно отличались особи, несущие в своём геноме *B*-аллель гена *H-FABP* (11,91-12,38 поросят), они превосходили сверстниц с генотипом *AA* по этому показателю на 2,59-3,06 голов ($P < 0,001$). Однако при рождении более крупные были поросята от матерей, несущих в своём геноме *A*-аллель гена *H-FABP* (1,06-1,13), которые выгодно отличались по этому показателю от аналогов с генотипом *BB* на 0,02 и 0,09 кг

($P < 0,05$). По количеству поросят и по массе гнезда при отъёме имели превосходство животные с генотипами *BB* (10,26 голов и 69,38 кг масса гнезда) и *AB* (10,14 голов и 69,26 кг масса гнезда), что выше, чем у аналогов с генотипом *AA* на 1,77-1,89 голов ($P < 0,001$) и 9,99-10,11 кг массы гнезда ($P < 0,001$) соответственно. Сохранность гнезда к моменту отъёма в возрасте 30 дн. с разными генотипами по гену *H-FABP* уменьшалось в следующем порядке $AA > BB > AB$, причём разница с особями генотипа *AB* по этому показателю была достоверной, при $P < 0,05-0,01$. В сравнительном аспекте анализ помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок с разными генотипами *H-FABP* показал, что по откормочным, ростовым и репродуктивным качествам положительно выделялись свиноматки, несущие в своём геноме *B*-аллель гена *H-FABP* по сравнению с самками с генотипом *AA* гена *H-FABP*.

2.2.21 Хозяйственно-полезные признаки свиноматок с разными генотипами гена *MC4R*

Сравнительные исследования свиноматок с разными генотипами *MC4R* показали преимущества по толщине шпика над 6-7 грудными позвонками и по длине тела свиноматок с генотипами *AB* (17,18 мм и 115,23 см) и *BB* (17,29 мм и 114,85 см), они превосходили по данным показателям сверстниц с генотипом *AA* на 0,8-1,00 мм ($P < 0,001$) и 0,7-1,1 см. По многоплодию более высокие показатели у самок, несущих в своём геноме *B*-аллель гена *MC4R* (11,27-11,93 поросят), превосходство над аналогами с генотипом *AA* по этому показателю составило 0,54-1,20 голов. При рождении более массивные были поросята от свиноматок с генотипами *AA* и *AB* гена *MC4R* (1,07-1,08 кг), которые тяжелее по этому показателю поросят от свинок с генотипом *BB* на 0,03-0,04 кг. Более высокие показатели по количеству поросят, по массе гнезда и сохранности гнезда при отъёме имели самки с генотипами *AB* (10,11 голов, 69,75 кг масса гнезда и 85,82%) и *BB* (9,75 голов, 65,73 кг масса гнезда и 87,34%), что выше, чем у сверстниц с генотипом *AA* на 0,75-1,11 поросёнка, 3,02 и 7,04 кг ($P < 0,05$) массы гнезда и 1,09-2,61% сохранности гнезда соответственно. В сравнительном аспекте анализ помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок с разными генотипами *MC4R* показал, что откормочным, ростовым и репродуктивным качествам положительно выделялись свиноматки, несущие в своём геноме *B*-аллель гена *MC4R* по сравнению с самками с генотипом *AA* гена *MC4R*.

2.2.22 Хозяйственно-полезные признаки свиноматок с разными комбинациями генотипов генов *PRLR* и *ESR*, ассоциирующихся с репродуктивными функциями свиней

Сравнительные исследования свиноматок с разными комбинациями генотипов *PRLR* / *ESR* показали, что по толщине шпика над 6-7 грудными позвонками животные достоверно не различались, этот показатель был в пределах от 16,92 до 17,33 мм, при этом наибольшая толщина шпика у трёх комбинаций генотипов *PRLR* / *ESR* – *AAWW*, *ABWW*, *ABWW* (17,25-17,33 мм), а наименьшая у одной комбинации генотипов – *BBWW* (16,92 мм). Также животные с разными комбинациями генотипов *PRLR* / *ESR* достоверно не различались по длине тела, в основном этот показатель был в пределах 114,3-115,3 см, однако по длине тела положительно выделялась одна группа самок с комбинацией генотипов *PRLR* / *ESR* *BBWM* (117 см), что выше, чем у животных с другими комбинациями генотипов на 1,7-2,7 см. По многоплодию выгодно отличались особи с тремя комбинациями генотипов *PRLR* / *ESR* *AAWW*, *AAWM*, *AAMM* (12,09-13,17 поросят), они превосходили сверстниц с другими комбинациями генотипов на 0,19-4,66 поросёнка, причём достоверное преимущество было

над двумя комбинациями генотипов *PRLR / ESR ABWW, BBWW* ($P < 0,05-0,001$). При рождении более крупные были поросята от матерей с комбинацией генотипов *PRLR / ESR ABWW, ABWM, BBWW, BBWM* (1,08-1,17 кг), которые выгодно отличались по этому показателю от аналогов с другими комбинациями генотипов на 0,04-0,21 кг, причём достоверная ($P < 0,05$) разница выявлена между комбинациями генотипов *ABWW, BBWW* и *AAWM*. По количеству поросят и по массе гнезда при отъёме имели превосходство животные с комбинацией генотипов *PRLR / ESR AAWM* (10,83 голов и 72,94 кг масса гнезда) и *PRLR / ESR AAMM* (11,50 голов и 74,65 кг масса гнезда), что выше, чем у аналогов с другими комбинациями генотипов на 0,26-3,87 голов ($P < 0,05-0,001$, недостоверная разница между комбинациями генотипов *PRLR / ESR AAWM* и *ABWM*) и 0,87-20,51 кг ($P < 0,05-0,001$, недостоверная разница между комбинациями генотипов *PRLR / ESR AAWM, AAMM* и *ABWM, BBWM*) массы гнезда соответственно. Сохранность гнезда к моменту отъёма в возрасте 30 дн. свиноматок с разными комбинациями генотипов *PRLR / ESR* уменьшалось в следующем порядке *AAMM > ABWM > AAWM > BBWW > ABWW > BBWM > AAWW*, причём комбинация генотипов *PRLR / ESR AAMM* достоверно ($P < 0,05$ и $0,001$) превосходила комбинации генотипов *AAWW, AAWM, ABWW* и *BBWW*. В сравнительном аспекте анализ помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок с разными комбинациями генотипов *PRLR / ESR* показал, что по мясным качествам выгодно отличались три комбинации генотипов *PRLR / ESR – AAWW, ABWW, ABWM*, тогда как по ростовым показателям выделилась только одна комбинация генотипов *PRLR / ESR BBWM*. Однако результаты исследований также показали, что по репродуктивным качествам положительно выделялись две группы свиноматок с комбинациями генотипов *PRLR / ESR AAWM, AAMM*.

2.2.23 Хозяйственно-полезные признаки свиноматок с разными комбинациями генотипов генов *RYR1, LEP, H-FABP, MC4R*, влияющих на ростовые показатели свиней и качество мяса

Сравнительные исследования свиноматок с разными комбинациями генотипов *RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R* показали, что по толщине шпика над 6-7 грудными позвонками выгодно отличались животные двух комбинаций генотипов *RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R NNТТАВАВ* и *NNТТАВВВ* (18,00 мм), они превосходили по данному показателю аналогов с другими комбинациями генотипов на 0,29-2,00 мм, причём достоверное ($P < 0,05-0,001$) превосходство отмечено над животными семи комбинаций генотипов *NNТТАААВ, NNТТААВВ, NNСТААВВ, NNСТАВАВ, NNСТАВВВ, NNСТВВАВ, NNСТВВВВ*. Наибольшую длину тела имела свиноматка с комбинацией генотипов *RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R NNТТАВАВ* (119,0 см), что выше, чем у сверстниц с другими комбинациями генотипов на 3,0-6,0 см, при этом достоверная ($P < 0,05-0,001$) разница выявлена над животными восьми комбинаций генотипов *NNТТАААА, NNТТААВВ, NNСТАААВ, NNСТААВВ, NNСТАВАВ, NNСТАВВВ, NNСТВВАВ, NNСТВВВВ*. По многоплодию выгодно отличались особи с комбинацией генотипов *RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R NNСТАВАА* (13,55 поросят), они превосходили сверстниц с другими комбинациями генотипов на 0,53-4,73 поросят, причём достоверное ($P < 0,05$) преимущество было над тремя комбинациями генотипов *NNТТАААА, NNТТААВВ, NNСТААВВ*. При рождении более крупные были поросята от матерей с комбинацией генотипов *RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R NNТТАВАВ* (1,25 кг), которые выгодно отличались по этому показателю от аналогов с другими комбинациями генотипов на 0,02-0,29 кг, причём достоверная ($P < 0,05-0,001$) разница выявлена над шестью комбинациями генотипов *NNТТААВВ, NNСТААВВ, NNСТАВАВ, NNСТАВВВ, NNСТВВАВ,*

NNCTBBBB. По количеству поросят и по массе гнезда при отъёме имели превосходство животные с комбинацией генотипов *RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R NNCTABAA* (10,8 голов и 71,91 кг масса гнезда), что выше, чем у аналогов с другими комбинациями генотипов на 0,06-3,70 голов и на 0,79-19,61 кг массы гнезда соответственно. При этом достоверное ($P < 0,05-0,001$) превосходство выявлено над десятью (*NNTTAAAA, NNTTAAAB, NNTTAABB, NNTTABAB, NNTTABBB, NNCTAAAA, NNCTAABB, NNCTABAB, NNCTBBAB, NNCTBBBB*) комбинациями генотипов по количеству поросят при отъёме и над шестью (*NNTTAAAA, NNTTAABB, NNTTABBB, NNCTAAAA, NNCTAABB, NNCTBBBB*) комбинациями генотипов по массе гнезда к моменту отъёма. Сохранность гнезда к моменту отъёма в возрасте 30 дн. свиноматок с разными комбинациями генотипов *RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R* уменьшалось в следующем порядке *NNTTAAAB > NNCTAAAB > NNTTAABB > NNCTAAAA > NNCTBBBB > NNTTABAB > NNCTAABB > NNCTBBAB > NNTTAAAA > NNTTABBB > NNCTABAB > NNCTABBB > NNCTABAA*, причём комбинация генотипов *NNTTAAAB* достоверно ($P < 0,05$ и $0,001$) превосходила пять комбинаций генотипов *NNCTAABB, NNCTABAB, NNCTABBB, NNCTBBAB, NNCTBBBB*. В сравнительном аспекте анализ помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок с разными комбинациями генотипов *RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R* показал, что по мясным качествам выгодно отличались две комбинации генотипов *NNTTABAB* и *NNTTABBB*, тогда как по ростовым показателям выделялась только одна комбинация генотипов *NNTTABAB*. Однако результаты исследований также показали, что по репродуктивным качествам положительно выделялись две группы свиноматок с комбинациями генотипов *NNCTABAA* (по многоплодию, количеству поросят при отъёме и массе гнезда к моменту отъёма) и *NNTTABAB* (по крупноплодности и средней массе поросёнка при отъёме).

2.2.24 Хозяйственно-полезные признаки свиноматок с разными комбинациями генотипов генов *PRLR, ESR, RYR1, LEP, H-FABP, MC4R*, связанных с продуктивностью свиней

Сравнительные исследования свиноматок с разными комбинациями генотипов *PRLR / ESR / RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R* показали, что по толщине шпика над 6-7 грудными позвонками выгодно отличались животные семь комбинаций генотипов *PRLR / ESR / RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R ABWWNNCTBBBB, ABWMNNCTBBAB, ABWMNNCTBBBB, BBWWNNTTABBB, BBWWNNCTBBAB, BBWWNNCTBBBB, BBWMNNTTABAB* (18,00 мм), они превосходили по данному показателю аналогов с другими комбинациями генотипов на 0,08-2,00 мм, причём достоверное ($P < 0,01-0,001$) превосходство отмечено над животными четырёх комбинаций генотипов *WWNNCTABAB, AAWMNNCTABAB, ABWWNNTTAAAA, BBWWNNCTAABB*. Наибольшую длину тела имела свиноматка с комбинацией генотипов *PRLR / ESR / RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R BBWMNNTTABAB* (119,0 см), что выше, чем у сверстниц с другими комбинациями генотипов на 2,0-6,0 см, при этом достоверная ($P < 0,05-0,001$) разница выявлена над животными двенадцати комбинаций генотипов *AAWWNNCTABAB, AAWWNNCTABBB, AAWWNNCTBBBB, AAWMNNCTABAB, AAWMNNCTBBBB, AAWMNNCTBBBB, ABWWNNTTAAAA, ABWWNNCTAABB, ABWWNNCTABAB, ABWWNNCTBBAB, ABWWNNCTBBBB, BBWWNNCTAABB*. По многоплодию выгодно отличались особи с комбинацией генотипов *PRLR / ESR / RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R ABWWNNCTABAA* (14,70 поросят), они превосходили сверстниц с другими комбинациями генотипов на 0,60-7,30 поросят, причём достоверное ($P < 0,05-0,001$) преимущество было над двенадцатью комбинациями генотипов *AAWWNNCTBBBB*,

AAWMNNCTABAB, *AAWMNNCTBBAB*, *AAWMNNCTBBBB*, *AAMMNNCTBBBB*,
ABWWNNTTAAAA, *ABWWNNTTAABB*, *ABWWNNCTABAB*, *ABWWNNCTBBAB*,
ABWWNNCTBBBB, *BBWWNNTTAABB*, *BBWWNNCTAABB*. При рождении более крупные
были поросята от матерей с комбинацией генотипов *PRLR / ESR / RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R BBWMNNTTABAB* (1,25 кг), которые выгодно отличались по этому показателю от
аналогов с другими комбинациями генотипов на 0,02-0,43 кг, причём достоверная ($P < 0,05-0,001$) разница выявлена над восемью комбинациями генотипов *AAWWNNCTABAB*,
AAWWNNCTBBAB, *AAWWNNCTBBBB*, *AAWMNNCTABAB*, *AAWMNNCTBBAB*,
AAWMNNCTBBBB, *ABWWNNCTBBAB*, *ABWWNNCTBBBB*. По количеству поросят и по
массе гнезда при отъёме имели превосходство животные с комбинацией генотипов *PRLR / ESR / RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R AAMMNNCTABBB* (12,00 голов) и *ABWMNNCTBBAB*
(76,12 кг масса гнезда), что выше, чем у аналогов с другими комбинациями генотипов на 0,77-5,15 голов и на 1,27-25,86 кг массы гнезда соответственно. При этом достоверное
($P < 0,05-0,001$) превосходство выявлено над шестнадцатью (*AAWWNNCTABAB*,
AAWWNNCTABBB, *AAWWNNCTBBAB*, *AAWWNNCTBBBB*, *AAWMNNCTABAB*,
AAWMNNCTBBAB, *AAWMNNCTBBBB*, *AAMMNNCTBBBB*, *ABWWNNTTAAAA*,
ABWWNNTTAABB, *ABWWNNCTAABB*, *ABWWNNCTABAB*, *ABWWNNCTBBAB*,
ABWWNNCTBBBB, *BBWWNNTTAABB*, *BBWWNNCTAABB*) комбинациями генотипов по
количеству поросят при отъёме и над десятью (*AAWWNNCTABAB*, *AAWWNNCTBBBB*,
AAWMNNCTABAB, *AAWMNNCTBBAB*, *AAWMNNCTBBBB*, *ABWWNNTTAAAA*,
ABWWNNCTABAB, *ABWWNNCTBBAB*, *ABWWNNCTBBBB*, *BBWWNNCTAABB*)
комбинациями генотипов по массе гнезда к моменту отъёма. Сохранность гнезда к моменту
отъёма в возрасте 30 дн. свиноматок с разными комбинациями генотипов *PRLR / ESR / RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R* уменьшалось в следующем порядке *AAWMNNTTAABB* >
AAWMNNCTAAAB > *ABWMNNCTBBBB* > *ABWWNNTTAAAB* > *AAMMNNCTBBBB* >
ABWWNNCTAAAB > *ABWMNNCTBBAB* > *BBWWNNCTBBBB* > *BBWWNNTTAABB* >
AAWMNNCTABAB > *AAMMNNCTABBB* > *ABWWNNCTBBBB* > *BBWWNNCTBBAB* >
ABWWNNTTAABB > *AAWMNNCTBBBB* > *BBWWNNCTAABB* > *AAWMNNCTBBAB* >
BBWWNNCTAAAA > *AAWWNNCTABAA* > *BBWMNNTTABAB* > *ABWWNNCTBBAB* >
ABWWNNTTAAAA > *BBWWNNTTABBB* > *ABWWNNCTAABB* > *AAWWNNCTBBBB* >
BBWWNNCTABAB > *AAWWNNCTBBAB* > *ABWMNNCTABBB* > *AAWWNNCTABBB* >
ABWWNNCTABAB > *BBWMNNCTBBAB* > *AAWWNNCTABAB* > *ABWWNNCTABAA*, причём
комбинация генотипов *AAWMNNTTAABB* достоверно ($P < 0,05-0,001$) превосходила
двенадцать комбинаций генотипов *AAWWNNCTABAB*, *AAWWNNCTABBB*,
AAWWNNCTBBAB, *AAWWNNCTBBBB*, *AAWMNNCTABAB*, *AAWMNNCTBBAB*,
AAWMNNCTBBBB, *ABWWNNTTAABB*, *ABWWNNCTABAB*, *ABWWNNCTBBAB*,
ABWWNNCTBBBB, *BBWWNNCTAABB*. В сравнительном аспекте анализ помесных
(йоркшир × ландрас) свиноматок с разными комбинациями генотипов *PRLR / ESR / RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R* показал, что по мясным качествам выгодно отличались семь
комбинаций генотипов *ABWWNNCTBBBB*, *ABWMNNCTBBAB*, *ABWMNNCTBBBB*,
BBWWNNTTABBB, *BBWWNNCTBBAB*, *BBWMNNTTABAB*, тогда как по
ростовым показателям выделялась только одна комбинация генотипов *BBWMNNTTABAB*.
Однако результаты исследований также показали, что по репродуктивным качествам
положительно выделялись три разные группы свиноматок с комбинациями генотипов

ABWWNNCTABAA (по многоплодию), *AAMMNNCTABBB* (по количеству поросят при отъёме) и *ABWMNNCTBBAB* (по массе гнезда к моменту отъёма).

2.2.22 Оценка экономической эффективности содержания свиноматок с разными комбинациями генотипов генов *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R*

Сумма расчётной живой масса поросят при рождении и массы гнезда к моменту отъёма поросят в возрасте 30 дн. от 1 свиноматки с разными комбинациями генотипов генов *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R* в КФХ «Пашков С.И.» составила 124,93-204,88 кг. Свиноматки с разными комбинациями генотипов *PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R* превосходили сверстниц базового варианта (комбинация генотипов *BBWWNNTTAABB*) по основной продукции на 4,76-79,95 кг (3,81-64,00%) живой массы. Стоимость дополнительной продукции в расчёте на 1 свиноматку с разными комбинациями генотипов *PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R* по сравнению с аналогами комбинации генотипов *BBWWNNTTAABB* составила от 428,40 руб. (комбинация генотипов *BBWWNNTTABBB*) до 7195,50 руб. (комбинация генотипов *AAMMNNCTABBB*). Таким образом, расчёты экономической эффективности показали, что от помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок с разными комбинациями генотипов *PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R* по сравнению с аналогами с комбинацией генотипов *BBWWNNTTAABB* можно получить прибыль выше на 428,40-7195,50 руб. соответственно.

3 ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Полученные результаты позволили сделать следующие **выводы**:

1. Апробированные и оптимизированные известные способы проведения ПЦР и ПЦР-ПДРФ для идентификации аллельных вариантов генов *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP* и *MC4R* у свиней являются достоверными в детекции аллелей и генотипов анализируемых генов.

2. В выборке помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок наибольшая встречаемость аллелей генов *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R* составила для *A*-аллеля – 0,70, *W*-аллеля – 0,83, *N*-аллеля – 1,0, *T*-аллеля – 0,55, *B*-аллеля – 0,69 и *B*-аллеля – 0,70 соответственно.

3. В выборке помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок из 9 вероятных комплексных генотипов *PRLR/ESR* выявлено только 7. Наибольшая встречаемость комплексных генотипов *PRLR/ESR* в комбинациях *ABWW*, *AAWW*, *AAWM*, что составляет 31,30%, 26,09% и 23,48% соответственно.

4. В выборке помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок из 81 и 729 вероятных комплексных генотипов *RYR1/LEP/H-FABP/MC4R* и *PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R* выявлено только 13 и 33 соответственно. Наибольшая встречаемость комплексных генотипов *RYR1/LEP/H-FABP/MC4R* и *PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R* в комбинациях *NNCTBBBB*, *NNCTBBAB*, *NNCTABAB* и *AAWWNNCTBBBB*, *ABWWNNCTBBAB*, *AAWMNNCTBBAB*, что составляет 29,57%, 26,09%, 18,26% и 14,78%, 11,30%, 9,56% соответственно.

5. Анализ помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок с разными генотипами *PRLR*, *ESR*, *LEP*, *H-FABP* и *MC4R* по репродуктивным качествам показал, что животные с генотипами *AB* и *BB* гена *PRLR*, *WM* и *MM* гена *ESR*, *CT* гена *LEP*, *AB* и *BB* гена *H-FABP*, *AB* и *BB* гена *MC4R* превосходили аналогов с другими генотипами по количеству поросят и

массе гнезда при отъёме на 0,75-2,84 голов и 3,02-15,42 кг соответственно. По ростовым показателям и качеству мяса выгодно отличались свиноматки с генотипами *CT* гена *LEP* (по толщине шпика), *AB* и *BB* гена *H-FABP*, *AB* и *BB* гена *MC4R* (по толщине шпика и длине тела), которые превосходили аналогов с другими генотипами на 0,66 мм ($P < 0,01$); 0,09-1,22 мм и 0,2-0,3 см; 0,8-1,00 мм ($P < 0,001$) и 0,7-1,1 см соответственно.

6. Анализ помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок с разными комплексными генотипами *PRLR / ESR* показал, что по продуктивным качествам выявлено превосходство комбинаций генотипов *AAWW*, *ABWW*, *ABWW* (по толщине шпика), *BBWM* (по длине тела) и *AAWM*, *ААММ* (по репродуктивности – количеству поросят и массе гнезда при отъёме) над аналогами с другими комбинациями генотипов *PRLR / ESR* на 0,25-0,41 мм; 1,7-2,7 см; 0,26-3,87 голов и 0,87-20,51 кг соответственно.

7. Анализ помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок с разными комплексными генотипами *RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R* и *PRLR / ESR / RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R* показал, что по продуктивным качествам выявлено превосходство комбинаций генотипов *NNTABAB*, *NNTABBB* и *ABWWNNCTBBBB*, *ABWMNNCTBBAB*, *ABWMNNCTBBBB*, *BBWWNNTABBB*, *BBWWNNCTBBAB*, *BBWWNNCTBBBB*, *BBWMNNTABAB* (по толщине шпика), *NNTABAB* и *BBWMNNTABAB* (по длине тела), *NNCTABAA* и *ААММNNCTABBB*, *ABWMNNCTBBAB* (по репродуктивности – количеству поросят и массе гнезда при отъёме) над аналогами с другими комбинациями генотипов *RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R* и *PRLR / ESR / RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R* на 0,08-2,00 мм; 2,0-6,0 см ($P < 0,05-0,001$); 0,06-5,15 голов и 0,79-25,86 кг соответственно.

8. Использование и внедрение современных молекулярно-генетических методов в производстве свиноводческой продукции экономически обосновано. Так, генотипирование помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок по генам *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R* позволяет получить прибыль в пределах от 428,40 до 7195,50 с каждой свиноматки.

На основании проведённых исследований предлагается **производству:**

1. Внедрение молекулярно-генетического анализа по генам-маркерам хозяйственно-ценных признаков в свиноводство позволит повысить эффективность традиционной селекционной работы в свиноводческих хозяйствах.

2. Предлагаем использовать полученные результаты ДНК-анализа свиней по генам *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R* в качестве дополнительной меры отбора и подбора особей при ведении племенной работы, направленной на улучшение качеств репродуктивной способности и мясной продуктивности.

Перспективы дальнейшей разработки темы:

Дальнейшие исследования могут быть направлены на всесторонний ДНК-анализ генов *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R* и других генов продуктивности в разных популяциях свиней Республики Татарстан. Наряду с этим планируется изучить расширенный перечень биологических и продуктивных особенностей свиней с разными генотипами генов *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R* и других генов продуктивности.

СПИСОК ОПУБЛИКОВАННЫХ РАБОТ ПО ТЕМЕ ДИССЕРТАЦИИ

Публикации в изданиях, рекомендованных ВАК Минобразования и науки РФ

1. Нурғалиев, Ф.М. Оптимизация техники ПЦР-ПДРФ для генотипирования свиней по генам *PRLR*, *ESR*, *H-FABP*, *MC4R* / Ф.М. Нурғалиев, Т.М. Ахметов, И.И. Гиниятуллин, С.В. Тюлькин, Р.Р. Вафин // *Фундаментальные исследования*. – Москва, 2013. – № 6 (4). – С. 918-921.

2. Гиниятуллин, И.И. Полиморфизм гена RYR1 в популяциях свиней разных пород Республики Татарстан / И.И. Гиниятуллин, Л.А. Рахматов, Т.М. Ахметов, С.В. Тюлькин // Учёные записки КГАВМ. – Том. 218. – Казань, 2014.– С. 60-64.

3. Рахматов, Л.А. Отбор свиноматок с учётом комплексного генотипа, воспроизводительных качеств и молочной продуктивности / Л.А. Рахматов, И.И. Гиниятуллин, Т.М. Ахметов, С.В. Тюлькин // Учёные записки КГАВМ. – Том. 218. – Казань, 2014.– С. 223-227.

4. Гиниятуллин, И.И. Внедрение в свиноводство молекулярно-генетических методов и их экономическое обоснование / И.И. Гиниятуллин, Л.А. Рахматов, Т.М. Ахметов, С.Ф. Шайдуллин, С.В. Тюлькин // Учёные записки КГАВМ. – Том. 222 (2). – Казань, 2015.– С. 55-58.

5. Гиниятуллин, И.И. Хозяйственно-полезные признаки помесных свиноматок с разными комбинациями генотипов генов ESR и PRLR / И.И. Гиниятуллин, Л.А. Рахматов, Р.Ч. Искандаров, Т.М. Ахметов, С.В. Тюлькин, Р.Р. Вафин // Учёные записки КГАВМ. – Том. 228 (4). – Казань, 2016.– С. 57-60.

6. Гиниятуллин, И.И. Хозяйственно-полезные признаки помесных свиноматок с разными генотипами гена MC4R / И.И. Гиниятуллин, Л.А. Рахматов, Т.М. Ахметов, Х.Х. Гильманов, С.В. Тюлькин, Р.Р. Вафин // Учёные записки КГАВМ. – Том. 228 (4). – Казань, 2016.– С. 60-63.

Статьи в других изданиях

7. Тюлькин, С.В. Применение ДНК-диагностики для выявления рецессивных мутаций у сельскохозяйственных животных / С.В. Тюлькин, И.И. Гиниятуллин, Т.М. Ахметов, Л.А. Рахматов, Ф.М. Нурғалиев, Р.Р. Вафин. – сб. тр. VIII Всерос. науч.-практ. конф. с междунар. участием. – Том 2. – М., 2014 – С. 524-525.

8. Гиниятуллин, И.И. Встречаемость комплексных генотипов H-FABP/MC4R у свиноматок крупной белой породы / И.И. Гиниятуллин, Л.А. Рахматов, Т.М. Ахметов, С.В. Тюлькин, Вафин Р.Р. - материалы междунар. науч. практ. конф. «Фундаментальные и прикладные проблемы повышения продуктивности животных и конкурентоспособности продукции животноводства в современных экономических условиях АПК РФ». – Том. 2. – Ульяновск, 2015. – С. 180-182.

9. Гиниятуллин, И.И. Молекулярная диагностика полиморфизма генов ESR и PRLR, влияющих на репродуктивные качества свиней / И.И. Гиниятуллин, Л.А. Рахматов, Р.Р. Муллахметов, Т.М. Ахметов, С.В. Тюлькин // Учёные записки КГАВМ. – Том. 225 (1). – Казань, 2016.– С. 107-109.

10. Рахматов, Л.А. Сравнительная характеристика помесных свиней в условиях ООО «ТАТМИТ Агро» / Л.А. Рахматов, Г.М. Яруллина, И.И. Гиниятуллин, Т.М. Ахметов, С.В. Тюлькин. – междунар. науч. конф. «Современные проблемы ветеринарной и аграрной науки и образования», посвящённой 150-летию образования Государственной ветеринарной службы России». - Учёные записки КГАВМ. – Том. 226 (2). – Казань, 2016.– С. 206-209.

11. Гиниятуллин, И.И. Хозяйственно-ценные качества свиней с разными генотипами PRLR и ESR / И.И. Гиниятуллин, Л.А. Рахматов, Т.М. Ахметов, С.В. Тюлькин, Р.Р. Вафин // Нива Татарстана. – Казань, 2016. – № 2-3. – С. 30-31.

12. Гиниятуллин, И.И. Молекулярная диагностика полиморфизма свиней по гену лептина / И.И. Гиниятуллин, Л.А. Рахматов, Т.М. Ахметов, С.В. Тюлькин, Р.Р. Вафин // Нива Татарстана. – Казань, 2016. – № 2-3. – С. 32-33.

