

ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ
УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ
КАЗАНСКАЯ ГОСУДАРСТВЕННАЯ АКАДЕМИЯ ВЕТЕРИНАРНОЙ
МЕДИЦИНЫ ИМЕНИ Н.Э. БАУМАНА

На правах рукописи



**ГИНИЯТУЛЛИН
ИЛЬНАР ИЛЬХАМОВИЧ**

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

Специальность: 06.02.07 – разведение, селекция и генетика сельскохозяйственных
животных

ДИССЕРТАЦИЯ

на соискание учёной степени кандидата биологических наук

Научный руководитель:
доктор биологических наук, профессор
Ахметов Тахир Мунавирович

Казань – 2017

СОДЕРЖАНИЕ

	Стр.
ВВЕДЕНИЕ.....	4
1 ОБЗОР ЛИТЕРАТУРЫ.....	9
1.1 Гены, ассоциирующиеся с репродуктивными функциями свиней.....	9
1.1.1 Генетический полиморфизм гена пролактинового рецептора (<i>PRLR</i>) и его влияние на продуктивные качества свиней.....	9
1.1.2 Генетический полиморфизм гена эстрогенового рецептора (<i>ESR</i>) и его влияние на продуктивные качества свиней.....	15
1.2 Гены, ассоциирующиеся с ростом свиней и качеством их мяса....	22
1.2.1 Генетический полиморфизм гена рианодинового рецептора (<i>RYRI</i>) и его влияние на продуктивные качества свиней	22
1.2.2 Генетический полиморфизм гена лептина (<i>LEP</i>) и его влияние на продуктивные качества свиней.....	27
1.2.3 Генетический полиморфизм гена белка, связывающего жирные кислоты (<i>H-FABP</i>) и его влияние на продуктивные качества свиней.....	31
1.2.4 Генетический полиморфизм гена меланокортинового рецептора 4 (<i>MC4R</i>) и его влияние на продуктивные качества свиней.....	35
2 ОСНОВНОЕ СОДЕРЖАНИЕ РАБОТЫ	42
2.1 МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЯ.....	42
2.2 РЕЗУЛЬТАТЫ СОБСТВЕННЫХ ИССЛЕДОВАНИЙ.....	51
2.2.1 Апробация и оптимизация известного способа ПЦР и ПЦР-ПДРФ для идентификации аллельных вариантов гена <i>PRLR</i> у свиней....	51
2.2.2 Апробация и оптимизация известного способа ПЦР и ПЦР-ПДРФ для идентификации аллельных вариантов гена <i>ESR</i> у свиней.....	52
2.2.3 Апробация известного способа ПЦР и ПЦР-ПДРФ для идентификации аллельных вариантов гена <i>RYRI</i> у свиней.....	53
2.2.4 Апробация и оптимизация известного способа ПЦР и ПЦР-ПДРФ для идентификации аллельных вариантов гена <i>LEP</i> у свиней.....	54
2.2.5 Апробация и оптимизация известного способа ПЦР и ПЦР-ПДРФ для идентификации аллельных вариантов гена <i>H-FABP</i> у свиней..	55
2.2.6 Апробация и оптимизация известного способа ПЦР и ПЦР-ПДРФ для идентификации аллельных вариантов гена <i>MC4R</i> у свиней....	56
2.2.7 Генетический полиморфизм генов <i>PRLR</i> , <i>ESR</i> , <i>RYRI</i> , <i>LEP</i> , <i>H-FABP</i> , <i>MC4R</i> у свиней.....	57
2.2.7.1 Генетический полиморфизм гена <i>PRLR</i> у свиноматок.....	57
2.2.7.2 Генетический полиморфизм гена <i>ESR</i> у свиноматок.....	58
2.2.7.3 Генетический полиморфизм гена <i>RYRI</i> у свиноматок.....	59
2.2.7.4 Генетический полиморфизм гена <i>LEP</i> у свиноматок.....	60
2.2.7.5 Генетический полиморфизм гена <i>H-FABP</i> у свиноматок.....	61
2.2.7.6 Генетический полиморфизм гена <i>MC4R</i> у свиноматок.....	62
2.2.8 Встречаемость комплексных генотипов генов <i>PRLR</i> и <i>ESR</i> ,	63

	ассоциирующихся с репродуктивными функция свиней.....	
2.2.9	Встречаемость комплексных генотипов генов <i>RYR1</i> , <i>LEP</i> , <i>H-FABP</i> , <i>MC4R</i> , влияющих на ростовые показатели свиней и качество мяса	64
2.2.10	Встречаемость комплексных генотипов генов <i>PRLR</i> , <i>ESR</i> , <i>RYR1</i> , <i>LEP</i> , <i>H-FABP</i> , <i>MC4R</i> , связанных с продуктивностью свиней.....	66
2.2.11	Хозяйственно-полезные признаки свиноматок с разными генотипами генов <i>PRLR</i> , <i>ESR</i> , <i>RYR1</i> , <i>LEP</i> , <i>H-FABP</i> , <i>MC4R</i>	69
2.2.11.1	Хозяйственно-полезные признаки свиноматок с разными генотипами генов <i>PRLR</i> и <i>ESR</i> , ответственных за репродуктивные качества свиней.....	69
2.2.11.1.1	Хозяйственно-полезные признаки свиноматок с разными генотипами гена <i>PRLR</i>	69
2.2.11.1.2	Хозяйственно-полезные признаки свиноматок с разными генотипами гена <i>ESR</i>	70
2.2.11.2	Хозяйственно-полезные признаки свиноматок с разными генотипами генов <i>RYR1</i> , <i>LEP</i> , <i>H-FABP</i> , <i>MC4R</i> , влияющие на ростовые показатели и качество мяса свиней.....	72
2.2.11.2.1	Хозяйственно-полезные признаки свиноматок с разными генотипами гена <i>RYR1</i>	72
2.2.11.2.2	Хозяйственно-полезные признаки свиноматок с разными генотипами гена <i>LEP</i>	73
2.2.11.2.3	Хозяйственно-полезные признаки свиноматок с разными генотипами гена <i>H-FABP</i>	74
2.2.11.2.4	Хозяйственно-полезные признаки свиноматок с разными генотипами гена <i>MC4R</i>	75
2.2.12	Хозяйственно-полезные признаки свиноматок с разными комбинациями генотипов генов <i>PRLR</i> и <i>ESR</i> , ассоциирующихся с репродуктивными функциями свиней.....	77
2.2.13	Хозяйственно-полезные признаки свиноматок с разными комбинациями генотипами генов <i>RYR1</i> , <i>LEP</i> , <i>H-FABP</i> , <i>MC4R</i> , влияющих на ростовые показатели свиней и качество мяса.....	79
2.2.14	Хозяйственно-полезные признаки свиноматок с разными комбинациями генотипами генов <i>PRLR</i> , <i>ESR</i> , <i>RYR1</i> , <i>LEP</i> , <i>H-FABP</i> , <i>MC4R</i> , связанных с продуктивностью свиней.....	82
2.3	Оценка экономической эффективности содержания свиноматок с разными комбинациями генотипов генов <i>PRLR</i> , <i>ESR</i> , <i>RYR1</i> , <i>LEP</i> , <i>H-FABP</i> , <i>MC4R</i>	87
2.4	ОБСУЖДЕНИЕ РЕЗУЛЬТАТОВ ИССЛЕДОВАНИЯ.....	90
	ЗАКЛЮЧЕНИЕ.....	99
	СПИСОК СОКРАЩЕНИЙ И УСЛОВНЫХ ОБОЗНАЧЕНИЙ	102
	СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННОЙ ЛИТЕРАТУРЫ.....	104
	ПРИЛОЖЕНИЯ.....	123

ВВЕДЕНИЕ

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 [10].

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 [41].

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 [30] и со спермопродуктивностью хряков [45, 73]. Другие гены, такие как ген риадинового рецептора (*RYR1*) [66, 69], лептина (*LEP*) [139], меланокортинового рецептора 4 (*MC4R*) [153] и белка, связывающего жирные кислоты (*H-FABP*) [62] 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 [153], а гены мясной продуктивности у свиней *RYR1*, *LEP*, *MC4R* и *H-FABP*, оказывают действие на репродуктивные признаки [21, 25, 27, 69, 160].

Степень разработанности темы. 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* [40, 52, 67, 86, 102, 126, 148, 153]; Друшляк Н.Г.; Семенов В.В. и др. в 2014 г.; Ковальчук М.А. и др.; Максимов Г.В., Радюк А.В.; Сердюк Г.Н. и др.; Соколов Н.В. и др. в 2015 г. – исследовали ген *ESR* [24, 32, 48, 64, 67, 72]; Друшляк Н.Г. в 2014 г.; Гришкова А.П., Барков Д.А.; Чернуха И.М. и др. в 2015 г. – исследовали ген *RYR1* [22, 24, 77]; 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* [102, 124, 137, 139, 153]; 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* [24, 87, 127, 129, 156]; 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* [78, 94, 107, 146, 153, 156].

Анализ генетической структуры генов *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *H-FABP*, *MC4R* и её влияния на воспроизводительные качества свиноматок крупной белой породы в Республике Татарстан провёл Нургалиев Ф.М. в 2013 г. [54], позднее аналогичные исследования (только по генам *ESR*, *RYR1*, *MC4R*) поставили Зиннатов Ф.Ф. и др. в 2015 г. [27]. Следует отметить, что ещё недостаточно раскрыт вопрос о влиянии генов *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *H-FABP*, *MC4R* на репродуктивные функции и мясную продуктивность помесных 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 исследований. Основные материалы диссертации опубликованы в 9 научных статьях в журналах и сборниках региональных и межвузовских научно-практических конференций, в том числе 5 из них в рецензируемых научных изданиях рекомендованных ВАК РФ.

Объем и структура диссертации. Диссертация изложена на 126 страницах компьютерного текста и состоит из введения, обзора литературы, собственных исследований, включающих материалы и методы, их результатов и обсуждения в виде заключения, выводов, практических предложений, списка сокращений и условных обозначений, списка иллюстративного материала, приложений, списка использованной литературы, состоящего из 161 литературного источника, в том числе 79 иностранных авторов, иллюстрирована 24 таблицами и 15 рисунками.

1 ОБЗОР ЛИТЕРАТУРЫ

1.1 Гены, ассоциирующиеся с репродуктивными функциями свиней

1.1.1 Генетический полиморфизм гена пролактинового рецептора (*PRLR*) и его влияние на продуктивные качества свиней

Ген *PRLR* у свиней расположен в 16 хромосоме. Причём впервые генетический полиморфизм гена *PRLR* свиней был выявлен при использовании фермента рестриктазы *AluI* [159].

Ген *PRLR* у свиней обладает аллельным полиморфизмом, в частности он представлен двумя аллелями *A* и *B*, которые ассоциируются с такими свойствами как многоплодие и выкармливание поросят [20].

В стаде из 87 помесных свиноматок (йоркшир × ландрас) Ленинградской области большинство (48,3%) самок с генотипом *AB* гена *PRLR*, почти схожий процент маток содержали гомозиготные генотипы гена *PRLR AA* – 27,5% и *BB* – 24,2%. Частота аллелей гена *PRLR* у 2-х породных помесных свиноматок была 0,517 по *A*-аллелю и 0,483 по *B*-аллелю [67].

Выполненные исследования на 56 свиноматках породы ландрас Тюменской области показали, что наибольшая частота в анализируемой популяции характерна для аллеля *A* (0,66) и гомозиготного генотипа *AA* (48,4%) гена *PRLR* [40].

При исследовании 50 свиноматок крупной белой породы линии Го в Тюменской области получены следующие результаты, что в данной популяции наибольшая частота встречаемости по гену *PRLR* соответственно *B* аллеля (0,76) и *BB* генотипа (66,0%) [8].

Частоты генотипов и аллелей по гену *PRLR* в популяциях свиней белорусской мясной породы Белоруссии распределились следующим образом: у маток *PRLR^{AA}* – 21,7%, *PRLR^{AB}* – 51,8, *PRLR^{BB}* – 26,5%, *PRLR^A* – 0,475, *PRLR^B* –

0,525, у хряков-производителей $PRLR^{AA}$ – 28,0%, $PRLR^{AB}$ – 48,0%, $PRLR^{BB}$ – 24,0%, $PRLR^A$ – 0,520, $PRLR^B$ – 0,480 [25].

Определение полиморфизма $PRLR-AluI$ методом ПЦР-ПДФФ показала, что частоты встречаемости аллелей A и B в популяциях разных пород Республики Беларусь составляет: ландрас ($n = 52$) 0,625 и 0,375, йоркшир ($n = 39$) 0,513 и 0,487, белорусская крупная белая ($n = 26$) 0,654 и 0,346, белорусская чёрно-пёстрая ($n = 20$) 0,650 и 0,350, белорусская заводского типа породы йоркшир ($n = 19$) 0,447 и 0,553 соответственно [52].

Анализ результатов генотипирования по гену $PRLR$ позволил выявить, что большинство опытных животных из 11 хряков крупной белой породы польской селекции и 10 породы ландрас в Украине имели гомозиготный генотип BB – 73 и 60% соответственно. В анализируемых выборках хряков, частота носителей генотипа AA по сравнению с BB в 4 раза меньше по крупной белой породе и всего в 2 раза меньше по породе ландрас. При этом частота аллелей A и B гена $PRLR$ в популяциях хряков составила 0,23 и 0,77 по крупной белой породе и 0,35 и 0,65 по породе ландрас [80].

В стадах свиней разных пород Украины встречаемость аллелей A и B гена $PRLR$ имели следующие значения, а именно: уэльская английской селекции ($n = 15$) 0,333 и 0,667, ландрас отечественная селекция ($n = 21$) 0,381 и 0,619, ландрас новых линий и семейств ($n = 16$) 0,313 и 0,688, уэльская новых линий и семейств ($n = 8$) 0,125 и 0,875, крупная белая отечественной селекции ($n = 60$) 0,567 и 0,433 соответственно. Однако генотип AB по гену $PRLR$ обнаружен только у животных крупной белой породе отечественной селекции – 56% [76].

Проведённые исследования в племенных стадах свиней пород крупной белой (44 свиноматки и 29 хряков), ландрас (38 свиноматок и 17 хряков), украинской мясной (72 свиноматки и 9 хряков), уэльской (125 свиноматок и 10 хряков) и терминальной линии альба (14 свиноматок и 12 хряков) в Украине свидетельствуют о том, что встречаемость желательного аллеля A гена $PRLR$ выше у свиней породы крупной белой (0,49) и меньше в породе ландрас (0,33). В породе ландрас и терминальной линии альба встречается наименьшая частота

генотипа *AA* (22%), а наибольшая гетерозиготность (*AB*) у животных в популяции уэльской породы [35].

В трёх популяциях свиноматок Венгрии, а именно в породах крупная белая ($n = 93$), дюркок ($n = 9$), пьетрен ($n = 15$) обнаружены три генотипа *AB*, *BB* и *AA* гена *PRLR*, причём среди свиней породы дюркок генотип *AA* не встречался. Встречаемость аллелей *A* и *B* гена *PRLR* по породам составила 0,63 и 0,37; 0,17 и 0,83; 0,59 и 0,41 соответственно [102].

Полученные результаты встречаемости генотипов среди 15 чёрных славонских свиноматок Хорватии показали одинаковое распределение гомозиготных генотипов *AA* (40%) и *BB* (40%), в то время как показатель животных с гетерозиготным генотипом *AB* было меньше и он составил 20% [86].

Исследования 103 свиноматок крупной белой породы Польши по гену рецептора *PRL* в позиции *c.1528A>T* позволили идентифицировать наличие трёх генотипов *AA* (0,495), *AT* (0,398) и *TT* (0,107) и соответственно двух аллелей *A* (0,694) и *T* (0,306) [148].

При изучении 101 свиноматки, относящимся к 20 разным линиям в Хорватии выявлено, что распределение *PRLR-AluI* генотипов у них было следующим: *AA* (0,0198), *AB* (0,5149), *BB* (0,4653). Среди данных самок встречаемость аллелей *A* и *B* составила 0,2772 и 0,7228 соответственно [126].

Проведённые исследования в популяции, состоящей из 121 помесной (белая мангалица × дюркок) свињи (80 свинок и 41 хрячок) в Венгрии показали, что в анализируемой популяции имеют генотипы гена *PRLR* *AA* (0,18), *AB* (0,67), *BB* (0,15). При этом частота встречаемости аллелей *A* и *B* гена *PRLR* была на уровне *A* (0,52) и *B* (0,48) [153].

В стадах чистопородных из 1658 свиней породы немецкий ландрас, 214 свиней породы дюркок, помесных 321 свиноматки и хрячков трёх синтетических линии Германии частота аллелей *A* и *B* гена *PRLR* составила 0,40 и 0,60; 0,83 и 0,17; 0,49 и 0,51 соответственно [92].

У 343 помесей диких корейских свиней × свиней крупной белой породы встречаемость генотипов *PRLR* составила для *AA* – 2%, *AG* – 22% и *GG* – 76%.

Среди данных животных Кореи частота аллелей *A* и *G* гена *PRLR* равнялась 0,547 и 0,453 соответственно [144].

Исследования 820 свиней крупной белой породы российского, канадского, белорусского, голландского, французского, ирландского происхождения и 224 свиней породы йоркшир канадского, финляндского, австрийского происхождения частота встречаемости аллелей *A* и *B* гена *PRLR* в среднем составила *A*-0,392, *B*-0,608 и *A*-0,421, *B*-0,579 соответственно [6].

Анализ генетической структуры 25 хряков-производителей породы дюрок линии Дубка в динамике двух поколений показал, что животные характеризуются полиморфизмом по гену *PRLR*. Встречаемость генотипа *PRLR^{AA}* в первом и во втором поколениях различалась незначительно и находилась в пределах 28 и 25%, генотип *PRLR^{AB}* в обоих поколениях равен 44%, а генотип *PRLR^{BB}* – 28 и 31% соответственно. Распределение встречаемости аллелей гена *PRLR* было следующим: первое поколение – по 0,50 для *A* и *B* аллелей, второе поколение – 0,47 для аллеля *A*, 0,53 для аллеля *B* [73].

Выявлено влияния гена *PRLR* на репродуктивные признаки свиней: свиноматок и хряков.

Так, интервал между опоросами значительно короче в случае свиноматок с *AB* и *AA* генотипами, чем у аналогов с *BB* генотипом (-46,98 дн., $P < 0,001$; -48,12 дн., $P < 0,001$) [102].

Наибольшее количество живых поросят было от свиноматок *AB* генотипа гена *PRLR*, хотя у *BB* гомозигот наблюдалась наибольшая изменчивость по количеству приплода. Установленные различия по количеству поросят между генотипами были статистически недостоверными [86].

Исследованиями, проведёнными в Белоруссии выявлены определённые закономерности положительного действия генотипа *PRLR^{AA}* свиноматок на количество рождённых (1,96 гол., $P < 0,05$) и живых поросят (1,5 гол., $P < 0,001$), на снижение аварийных опоросов (7,5%) по сравнению со сверстницами с генотипом *PRLR^{BB}* [25]. Более поздние исследования в Белоруссии на свиноматках крупной белой породы по репродуктивной способности получены похожие результаты.

Так, по количеству рождённых и живых поросят отличались матки с генотипом $PRLR^{AA}$, по данным показателям они превосходили аналогов с генотипом $PRLR^{BB}$ на 1,9 поросят или на 18% ($P < 0,05$) и на 1,5 поросят или на 14% ($P < 0,001$), соответственно. Также свиноматки с генотипом $PRLR^{AA}$ по сравнению $PRLR^{BB}$ имели больше массу гнезда при рождении на 0,6 кг или 3,6%, массу гнезда в 21 дн. и при отъёме – на 2 кг или 3,7% и на 4,9 кг или 5,2% [23].

Среди свиноматок породы ландрас в качестве «желательного» генотипа можно считать $AA/PRLR$, так как животные с данным генотипом по сравнению со сверстницами генотипа $BB/PRLR$ имели больше количество просят при рождении (на 2,3 гол.), многоплодии (на 1,7 гол.) и массу гнезда при рождении (на 2,5 кг). Свины с генотипом $AB/PRLR$ по репродуктивным качествам имели промежуточные значения [39, 42].

Отмечено, что у животных «желательным» является генотип BB , который ассоциируются с более высоким количеством поросят при рождении (на 1,8 поросёнка) и многоплодием (на 1,9 поросёнка) по сравнению с аналогами генотипа AA [8].

Выявлено, что хряки-производители в первом поколении с генотипом $PRLR^{AB}$ превосходили в объёме эякулята на 20-63 мл аналогов с генотипами $PRLR^{AA}$ и $PRLR^{BB}$ соответственно. Однако по концентрации спермиев выгодно отличались хряки с генотипом $PRLR^{AA}$ (1001 млн./мл), что выше, чем у животных с другими генотипами на 373-499 млн./мл, при $P < 0,01$. Во втором поколении хряки с генотипом $PRLR^{AA}$ имели наилучшие показатели по объёму эякулята и переживаемости спермиев, что выше чем у сверстников с другими генотипами на 21-46 мл и 16-34 ч соответственно [73].

Преимущество по показателям спермопродуктивности производителей породы ландрас с генотипом AA по гену $PRLR$ над аналогами с генотипом BB было незначительным и недостоверным. Среди хряков крупной белой породы польской селекции выявлено достоверное превосходство по концентрации спермиев животных с генотипом AA над генотипом BB [80].

Значительный уровень белка в молоке был получен на 1 дн. и 14 дн. первой лактации, а также в дни 1, 3 и 7 второй лактации. Молозиво и молоко характеризовалось более высоким уровнем белка у гомозиготных *TT* свиноматок по сравнению со сверстницами с другими генотипами гена *PRLR*. Причём, самым высоким содержанием жира в молоке характеризовались свиноматки с гомозиготным генотипом *AA* гена *PRLR* в первую лактацию на 1 дн. и генотипом *TT* во вторую лактацию на 7 и 3 дн. [148].

Доказано, что наличие в геноме *A* аллеля гена *PRLR* связана с более высокими среднесуточными приростами в период откорма (691-700 г против 687 г) и живой массой (136,7-137,1 кг против 134,8 кг), тогда как *B* аллеля ассоциируется с более высокими показателями: по толщине шпика (38,1-41,1 мм против 37,7 мм) и по обхвату поясницы (46,3 см против 45,4 см) [153].

Анализ свиноматок скороспелой мясной (СМ1) и крупной белой породы с разными генотипами гена *PRLR* по многоплодию показал, что наибольшей репродуктивностью обладали матки с генотипом *AA* и *BB* соответственно, при этом аналоги с генотипом *AB* в обеих популяциях имели наименьшее среднее количество рождённых и живорождённых поросят [38].

Наиболее высокие показатели многоплодия в целом по трём опросам характеризовались свиноматки с генотипом *AA* (10,1-12,0 поросят) гена *PRLR*, а наименьшие у самок с генотипом *BB* (9,1-10,1 поросят). Молочность животных варьировала от 53,1-60,4 кг у аналогов с генотипом *AA* и до 50,6-55,7 кг с генотипом *BB*. В целом наблюдалась тенденция увеличения многоплодия и молочности на 1,45 поросёнка и 3,6 кг в пользу свинок с «желательным» генотипом *AA* по сравнению со сверстницами с генотипами *AB* и *BB* [6].

Таким образом, представленный обзор данных по гену *PRLR* показал, что остаётся малоизученным вопрос генетического полиморфизма гена *PRLR* в чистопородных и помесных популяциях свиней Республики Татарстан. А также не в полной мере изучено влияние полиморфизма гена *PRLR* на хозяйственно-полезные признаки (репродуктивные, ростовые и качества мяса) свиней.

1.1.2 Генетический полиморфизм гена эстрогенового рецептора (*ESR*) и его влияние на продуктивные качества свиней

Ген *ESR* у свиней расположен в 1 хромосоме [68], генетический полиморфизм, которого ассоциируется с репродуктивной функцией свиней [150].

Проведённые исследования на молекулярном уровне 80 свиноматок крупной белой породы Ростовской области позволили сформировать из данных животных три группы с разными генотипами по гену *ESR*: *AA* (22 гол. или 27,5%), *AB* (44 гол. или 55,0%) и *BB* (14 гол. или 17,5%). Частота аллелей *A* и *B* гена *ESR* в представленной популяции составила 0,55 и 0,45 соответственно [69].

В популяции из 87 помесных свиноматок (йоркшир × ландрас) Ленинградской области более половины (53,9%) животных с гетерозиготным генотипом *AB* гена *ESR*, почти одинаковый процент маток содержали гомозиготные генотипы гена *ESR* *AA* – 22,9% и *BB* – 23,2%. Встречаемость аллелей гена *ESR* среди свиноматок (йоркшир × ландрас) с высоким и низким многоплодием составила 0,442 и 0,513 по *A*-аллелю 0,558 и 0,487 по *B*-аллелю соответственно [67].

Оценка 50 свиноматок крупной белой породы линии Го в Тюменской области показала, что в данной стаде наибольшая частота встречаемости по гену *ESR* *A* аллеля (0,69) и *AA* генотипа (56,6%) соответственно [8].

В стаде из 129 свиноматок крупной белой породы в условиях Краснодарского края методом ПЦР выявлено следующее соотношение генотипов и аллелей гена *ESR*, а именно: *AA* – 34,1%, *AB* – 48,8%, *BB* – 17,1% и *A* – 0,59, *B* – 0,41 соответственно [71].

В двух популяциях по 20 свиноматок, 5 хряков и 50 поросят мясных пород Ставропольского края встречаемость хряков породы дюрок с генотипом *AA* гена *ESR* составила 100%, маток – 55%, предпочтительных генотипов *AB* и *BB* – 25 и 20% соответственно. Животные скороспелой мясной породы степного типа (СМ-1 СТ) характеризовались достаточно высокой встречаемостью генотипов *AA* и *AB*: у хряков по 60 и 40%, у свиноматок по 45 и 40% соответственно. Характер распределения аллелей *A* и *B* гена *ESR* у свиноматок, производителей и поросят был следующим: по аллелю *A* 0,675-1,0-0,64 (дюрок) и 0,70-0,80-0,65 (СМ-1 СТ) и по аллелю *B* 0,325-0-0,36 (дюрок) и 0,30-0,20-0,35 (СМ-1 СТ) [62].

Анализом свиней породы дюрок и скороспелая мясная степного типа в Ставропольском крае установлено, что распределение генотипов по гену *ESR* было следующим: *AA* – 64,0 и 45,3%, *AB* – 30,7 и 46,7%, *BB* – 5,3 и 8,0% соответственно. Причём, потомство полученное от данных животных имели схожую встречаемость аллелей *A* и *B* в геноме, что составило 0,64 и 0,36 в породе дюрок и 0,65 и 0,35 в породе СМ1 соответственно [65].

В F_1 -генерации трёхпородного кросса «Артезианский» (крупная белая × скороспелая мясная 1 × ландрас) Ставропольского края среди 33 хряков и 38 свиноматок имелись только генотипы *AA* и *AB* гена *ESR*. При этом у самцов и самок частота встречаемости аллелей *A* и *B* гена *ESR* составила 0,73-0,67 (для *A*-аллеля) и 0,27-0,33 (для *B*-аллеля) соответственно [64].

Оценка 36 хряков крупной белой породы Рязанской области по гену *ESR* показала, что 33,3% животных было с генотипом *AA*, 41,7% – *AB* и 25% – *BB*. Встречаемость благоприятного аллеля *B* составила 0,46 [26].

Среди 130 проанализированных свиней методом ПЦР-ПДРФ по локусу гена *ESR* обнаружено 109 гомозиготных по *W* аллелю, 3 гомозиготных по *M* аллелю и 18 гетерозиготных (*WM*). У животных канадской селекции в Орловской области частота аллелей *W* и *M* составила 0,85 и 0,15 соответственно [24].

Среди изученных 141 свиноматки крупной белой породы Республики Татарстан по гену *ESR* желательные генотип *WW* имели 60,3%, остальные генотипы *MW* и *MM* по 37,6 и 2,1% соответственно [27].

Анализ 662 свиней белорусской крупной белой породы в Белоруссии установил, что в среднем по породе встречаемость генотипов гена *ESR* составляет: *AA* – 39,0%, *AB* – 37,8% и *BB* – 23,2% соответственно [44, 79].

Тестированием по маркеру плодовитости *ESR* 21 хряка и 39 свиноматок заводского типа йоркширской породы Белоруссии установлено, что частота генотипов составила у хряков ESR^{AA} – 47,6%, ESR^{AB} – 52,4%, ESR^{BB} – отсутствует и у маток ESR^{AA} – 23,1%, ESR^{AB} – 56,4%, ESR^{BB} – 20,5%. Концентрация аллелей ESR^A и ESR^B при этом составила 0,762 и 0,238; 0,513 и 0,487 соответственно [45].

В ходе генетического тестирования свиноматок и хряков-производителей белорусской мясной породы установлено, что большая часть маток (61,2%) – носители генотипа ESR^{AA} , остальная часть 31,5% ESR^{AB} и 7,3% ESR^{BB} , тогда как у хряков распределение было следующим: 64%, 26% и 10% соответственно. Встречаемость аллелей ESR^A и ESR^B у маток и хряков была одинаковой и составила 0,77 и 0,23 соответственно [25].

Встречаемость желательного генотипа ESR^{BB} и предпочтительного аллеля ESR^B среди животных разных пород имела следующие показатели: белорусская крупная белая (n = 14-170) 13,53-28,57% и 0,44-0,54, белорусская мясная (n = 37-103) 2,90-10,81% и 0,18-0,35, ландрас (n = 7-98) 7,14-14,29% и 0,21-0,30, йоркшир (n = 21-60) 9,52-13,33% и 0,41-0,43, белорусская чёрно-пёстрая (n = 4-46) 0-6,52% и 0,13-0,25, дюрок (n = 50) 0% и 0, белорусская мясная × ландрас (n = 23) 0% и 0,22 соответственно [32].

Племенные свиньи Украины пород крупная белая (n = 73), ландрас (n = 55), украинская мясная (n = 81), уэльская (n = 135) и терминальная линия альба, созданная на основе крупной белой породы (n = 26) в целом характеризовались достаточно высокой частотой 0,4-0,6 аллеля B гена ESR . Однако максимальной встречаемостью аллеля B обладали животные терминальной линии альба (0,6), а минимальной – свиньи уэльской породы (0,4) [35].

Частота аллелей A и B гена $ESR1$ среди свиней разных пород Украины была следующая: в уэльской английской селекции (n = 15), ландрас новых линий и семейств (n = 16) и уэльской новых линий и семейств (n = 8) по 1,0 (A) и 0 (B), ландрас отечественная селекция (n = 21) 0,905 (A) и 0,095 (B), крупной белой отечественной селекции (n = 60) 0,617 (A) и 0,383 (B) соответственно. Причём генотип BB по гену $ESR1$ встречался только в группах животных крупной белой породы и породы ландрас собственной селекции – 19 и 27% соответственно [76].

В результате генотипирования по гену ESR можно сказать следующее, что среди 11 хряков крупной белой породы польской селекции и 10 породы ландрас Украины гомозиготного генотип BB не имеется. Все производители в породе ландрас и большинство (60%) хряков крупной белой породы имели

гетерозиготный *AB* генотип. Встречаемость аллелей *A* и *B* составила 0,70 и 0,30 по крупной белой породе импортной селекции и по 0,50 в породе ландрас [80].

Изучен аллельный полиморфизм гена *ESR* в чистопородных и помесных популяциях свиноматок Китая; исследования показали, что встречаемость аллелей *A* и *B* гена *ESR* среди самок разных пород и породности была следующей: крупная белая ($n = 11$) 0,455 и 0,545, ландрас ($n = 19$) 1,0 и 0, китайская мейшан ($n = 22$) 0,409 и 0,591, их помесей – крупная белая \times ландрас ($n = 9$) 0,556 и 0,444, ландрас \times крупная белая ($n = 16$) 0,625 и 0,375, крупная белая \times мейшан ($n = 26$) 0,615 и 0,385, мейшан \times крупная белая ($n = 22$) 0,250 и 0,750 соответственно [118].

У проанализируемых 9015 свиней, в том числе 4262 свиноматок, принадлежащих к четырём коммерческим линиям свиней (три линии крупной белой породы и одна синтетическая линия с кровностью 1/4 по крупной белой породе и 3/4 по породе дюрок) США и Великобритании частота аллеля *B* гена *ESR* колебалась среди всех свиней от 0,46 и 0,53 (включая самцов) и среди свиноматок от 0,64 до 0,74, но наименьшая 0,17 у свиноматок синтетической линии [147].

Проведённые исследования чистопородных 1672 свиней породы немецкий ландрас, 214 свиней породы дюрок, помесных 273 свиноматок и 49 хряков трёх синтетических линии Германии показали, что у чистопородных животных имелся только генотип *AA* по гену *ESR* и частота встречаемости *A*-аллеля составила – 1,0, тогда как среди свиней синтетических линий частота аллеля *A* 0,90; при этом отмечено, что генотип *BB* среди гибридных особей не детектировался [92].

Среди 119 свиней сицилийской чёрной породы Италии встречаемость аллелей *A* и *B* гена *ESR* составила 0,908 и 0,092 соответственно. Также показана частота аллелей *A* и *B* гена *ESR* в популяциях свиней других пород: крупная белая ($n = 30-257$) 0,65 и 0,35, ландрас ($n = 21-150$) 0,98 и 0,02, дюрок ($n = 25-154$) 1,0 и 0, бельгийский ландрас ($n = 16-44$) 0,97 и 0,03, пьетрен ($n = 14-48$) 1,0 и 0, гемпшир ($n = 10-27$) 1,0 и 0, мейшан ($n = 9-14$) 0,22 и 0,78 соответственно [142].

При оценке поголовья из 155 свиноматок крупной белой породы, 132 свиноматок породы ландрас и 134 свиноматок белой мясной породы в 6

Словацких пороодообразующих фермах частота встречаемости аллелей *A* и *B* гена *ESR* составила 0,67 и 0,33; 0,92 и 0,08; 0,75 и 0,25 соответственно [131].

В популяции из 343 помесных свиней (дикая корейская × крупная белая) встречаемость генотипов *ESR* составила для *TT* – 37%, *TC* – 42% и *CC* – 21%. У этих животных Кореи частота аллелей *T* и *C* гена *ESR* равнялась 0,582 и 0,418 соответственно [144].

Поисследовав три группы животных в Мексике, а именно 29 свиней коммерческой улучшающей породы йоркшир, а также 74 свињи креольской мексиканской породы, включая 46 из Пелона и 28 Куино показано, что генетическая структура *ESR* по аллелям *A* и *B* составила 0,62 и 0,38 (йоркшир), 0,74 и 0,26 (Пелон), 0,84 и 0,16 (Куино) соответственно [116].

Определение аллельных вариантов гена *A* и *B* *ESR/PvuII* среди 50 свиноматок крупной белой породы английской селекции показало, что частота составила 0,47 и 0,53 соответственно [48].

Выявлено влияния гена *ESR* на репродуктивные признаки свиней: свиноматок и хряков.

Генотип *ESR* ассоциируется больше с длиной маточных труб, массой матки и пары яичников у чистопородных свиней породы мейшан и помесных самок крупная белая × мейшан, чем у аналогов чистопородных свиней крупной белой породы и мейшан × крупная белая помесей. В целом свиноматки с генотипом *BB* гена *ESR* выгодно отличались почти по всем репродуктивным качествам [118].

Матки с генотипом *BB* гена *ESR* превосходили по многоплодию сверстниц генотипом *AA* на 0,87-1,57 поросёнка на опорос ($P < 0,05$ и $0,001$). Наличие аллеля *B* в гетерозиготном состоянии приводит к устойчивой тенденции повышения по многоплодию, соответственно на 0,5-0,89 поросят ($P < 0,01$). При этом масса гнезда при отъёме у свиноматок-носителей генотипа *BB* также несколько выше, чем у сверстниц с генотипом *AA* и составила 2,09-6,1 кг ($P < 0,05$) [44, 79].

Отмечено, что свиноматки пород дюрок и СМ-1 СМ с генотипом *BB* достоверно превосходили сверстниц с генотипом *AA*: по многоплодию на 6,3 и 1,8%, крупноплодности – на 3,4 и 16,6%, молочности – на 14,1 и 15,8%, массе

гнезда при рождении – на 10,5 и 12,3%, сохранности – на 3,3 и 4,5% соответственно [62].

Анализ воспроизводительных качеств выявил превосходство свиноматок с генотипом BB/ESR относительно сверстниц с генотипом AA/ESR по количеству поросят при рождении и многоплодию на 1,05 и 0,7 гол. соответственно [48].

По воспроизводительной способности выгодно отличались свиноматки с генотипом ESR^{ww} (13,9 родившихся и 13,0 живорождённых поросят), они превосходили сверстниц с другими генотипами на 8,5-9,2% ($P < 0,05$) [27].

Анализ ассоциации полиморфных вариантов гена ESR свиноматок Республики Беларусь с воспроизводительными признаками показал, что животные с генотипом ESR^{BB} являются предпочтительными по сравнению с аналогами с генотипом ESR^{AA} по количеству рождённых поросят на 0,70-0,99 гол. и количеству живорождённых поросят – на 0,78-0,9 гол. [23, 25].

Матки с генотипом BB гена ESR превосходили маток с генотипом AA по многоплодию на 1,4 поросёнка. Межгрупповая разница по росту и мясным качествам свинок указанных генотипов отсутствовала [71].

Присутствие генотипа BB и AB гена ESR не оказало положительного действия на воспроизводительные качества свиноматок [72].

Исследованиями доказано, что у особей с генотипами AB и BB гена ESR превосходили аналогов с генотипом AA , как по количеству поросят при рождении (на 0,8-1,4 поросёнка), так и многоплодию (на 0,4-1,1 поросёнка) [8].

Полиморфизм гена ESR представлен двумя аллелями, а именно A и B . Предпочтительными для селекции в плане плодовитости среди 1500 свиней пород: крупная белая, скороспелая мясная 1, ландрас, дюрорк, их помеси, разводимые на Ставрополье были признаны генотипы BB и AB [33, 58, 66].

Среди свиноматок породы дюрорк и СМ СТ превосходили аналоги с генотипом BB : по многоплодию – на 6,3 и 1,8%, по массе гнезда при рождении – на 10,5 и 12,3%, по молочности – на 14,1 и 15,8% соответственно [65].

Хряки с генотипом ESR^{AA} обладали большей оплодотворяющей способностью маток – 91,7%, тогда как у аналогов с генотипом ESR^{AB} она

составила 87,8%. У свиноматок положительное влияние на многоплодие оказал аллель ESR^B в генотипе ESR^{BB} , что выше чем у сверстниц с генотипом ESR^{AA} по количеству живых поросят (на 1,6 гол., при $P \leq 0,05$) [45].

Межгрупповые различия хряков крупной белой породы польской селекции с генотипами AB и AA гена ESR по показателям спермопродуктивности оказались в пределах ошибки, что позволило считать об их отсутствии [80].

По спермопродукции выгодно выделялись самцы первого и второго поколения с генотипом ESR^{AA} , у них были выше концентрация спермиев на 51-113 млн./мл и выживаемость спермиев на 24-40 ч по сравнению с животными генотипа ESR^{AB} [73].

Установлены различия по таким показателям, как оплодотворяемость свиноматок (на 6,9%) рождение живых поросят (на 0,5 поросёнка), сохранность поросят (на 2,2%), объём эякулята у хряков-производителей (на 5,8 мл), общему количеству прямолинейно подвижных спермией в эякуляте (на 6,6 млрд.), в пользу животных с гетерозиготных AB -генотипом ESR в сравнении с аналогами с AA -генотипом [64].

Отмечено, что наличие в геноме B аллеля гена ESR у свиней положительно влияет на воспроизводительные и продуктивные качества, в частности на количество рождённых и живых поросят в гнезде, а также на среднесуточные приросты и толщину шпика [147].

Животные с BB -генотипом гена ESR выгодно отличались от сверстниц с другими генотипами по длине туловища на 0,6-0,8 см ($P > 0,99-0,999$), обхвату груди за лопатками на 0,8-1,5 см ($P > 0,999$), ширине груди на 0,8-1,2 см ($P > 0,999$), индексам растянутости на 6,6-7,1%, сбитости на 0-0,6%, грудному на 1,9-2,8%, костистости на 0,4-0,5% [69].

Отмечено о взаимосвязи аллеля W с более высокими откормочными показателями у свиней [24].

Таким образом, представленный обзор данных по гену ESR показал, что остаётся малоизученным вопрос генетического полиморфизма гена ESR в чистопородных и помесных популяциях свиней Республики Татарстан. А также не в полной мере изучено влияние полиморфизма гена ESR на хозяйственно-полезные признаки (репродуктивные, ростовые и качества мяса) свиней.

1.2 Гены, ассоциирующиеся с ростом свиней и качеством их мяса

1.2.1 Генетический полиморфизм гена рианодинового рецептора (*RYRI*) и его влияние на продуктивные качества свиней

Ген *RYRI* у свиней расположен в 6 хромосоме [111]. Ген *RYRI* известный селекционерам как маркерный ген; полиморфизм, которого ассоциируется с качеством мяса и предрасположенностью свиней к стрессу [63].

Разработана методика ДНК-диагностики генетической устойчивости к стрессам (по гену *RYRI*). Её использование даёт возможности по выявлению всех носителей этого наследственно заболевания, в том числе в скрытой форме, это позволяет исключать появления чувствительного к стрессу поросят, тем самым повышая сохранность потомства. Наибольшей встречаемостью стрессчувствительных свиней характеризуются такие породы, как пьетрен и ландрас. На основании генетического анализа 1860 свиней из 29 популяций установлено, что среди особей пород крупной белой, йоркшир и дюрок практически не встречается стрессчувствительный аллель [29].

Проведённый анализ 80 свиноматок крупной белой породы в Ростовской области показал, что по результатам молекулярно-генетических исследований получены две группы животных по гену *RYRI*: *NN* (78 гол. или 97,5%) и *Nn* (2 гол. или 2,5%). Встречаемость мутантного аллеля *n* была 0,013[69].

При определении генетической структуры гена *RYRI* в популяциях чистопородных свиней пород крупной белой, йоркширской, ландраской и дюрок, а также в стадах йоркшир × ландрас и ландрас × йоркшир × дюрок гибридов Орловской и Тульской областей выявлено, что у 1083 особей разного происхождения (8 стран и 23 стада) встречаемость нормального *N* аллеля и мутантного *n* аллеля в среднем составила 0,915 и 0,085 соответственно. При этом частота встречаемости генотипов *RYRI* в среднем составила: *NN* – 87,4%, *Nn* – 8,3%, *nn* – 4,3%. Более высокая частота встречаемости данной мутации у гибридных животных: йоркшир × ландрас – 0,106 и ландрас × йоркшир × дюрок –

0,109. По породам крупной белой и ландрас встречаемость n аллеля – 0,059. У свиней пород крупной белой и йоркшир мутантный n аллель встречался в геноме животных только отечественной селекции [77].

Генотипирование 200 свиней канадского происхождения пород йоркшир, ландрас, дюрок и их гибридов йоркшир \times ландрас, ландрас \times йоркшир \times дюрок с возрастом 5-13 мес. показало отсутствие в выборке генотипов Nn и nn по маркеру $RYR1$. Это говорит, что чистопородные и гибридные свиньи Орловской области обладают высоким генетическим потенциалом стрессоустойчивости [24].

Схожие исследования, проведённые на 141 и 187 свиноматках крупной белой породы Республики Татарстан показали, что 100% животных являются стрессрезистентными, то есть имеют генотип $RYR1^{NN}$ [27, 54].

Среди 87 кемеровских мясных свиней заводского типа КМ-1 и 113 животных нового типа породы СМ-1 (сибирский), разводимых в идентичных условиях Западной Сибири различались по частоте аллелей гена $RYR-1$, ответственного за стрессоустойчивость. Частота мутантного аллеля n гена $RYR-1$ у свиней пород КМ-1 и СМ-1 составила 0,0057 и 0,046 соответственно [22].

Изучение стрессоустойчивости на молекулярном уровне поголовья (всего 431 свинья) основных и ремонтных свиноматок и хряков, в том числе откормочных свиней белорусской крупной белой породы из различных районов республики показало, что животных стрессчувствительного генотипа nn гена $Ryr1$ не выявлено, тогда как гетерозиготы с генотипом Nn встречались с частотой 0,013 [44].

Тестирование хряков и свиноматок породы йоркшир белорусского заводского типа Республики Беларусь показало, что данные животные несут в своём геноме только стрессоустойчивый генотип $RYR1^{NN}$ [45].

В результате ДНК-тестирования по гену $RYR1$ свиноматок и хряков-производителей белорусской мясной породы Республики Беларусь диагностировано три ($RYR1^{NN}$ – 77%, $RYR1^{Nn}$ – 22,5%, $RYR1^{nn}$ – 0,5%) и два генотипа ($RYR1^{NN}$ – 76%, $RYR1^{Nn}$ – 24%) соответственно [25].

Проведённые исследования в популяциях свиней разных пород в Украине показали, что частота аллеля n гена *RYRI*, ответственного за стресс составляет: уэльская английской селекции ($n = 15$) – 0, ландрас отечественная селекция ($n = 21$) 0,140, ландрас новых линий и семейств ($n = 16$) и уэльская новых линий и семейств ($n = 8$) по 0,250, крупная белая отечественной селекции ($n = 60$) 0,025 [76].

Исследования, проведённые на 119 свиньях новой локальной сицилийской чёрной породе в Италии показали, что частота аллелей C и T гена *RYRI* была 0,996 и 0,004 соответственно. Аналогичный опыт в стадах свиней других пород показал, что встречаемость C и T гена *RYRI* составила: крупная белая ($n = 30-257$) 0,97 и 0,03, ландрас ($n = 21-150$) 0,90 и 0,10, дюррок ($n = 25-154$) 0,93 и 0,07, бельгийский ландрас ($n = 16-44$) 0,02 и 0,98, пьетрен ($n = 14-48$) 0,03 и 0,97, гемпшир ($n = 10-27$) 1,0 и 0 соответственно [142].

При анализе 155 свиноматок крупной белой породы, 132 свиноматок породы ландрас и 134 свиноматок белой мясной породы в 6 пороодообразующих фермах Словакии частота встречаемости аллелей C и T гена *RYRI* составила 0,91; 0,87; 0,84 и 0,09; 0,13; 0,16 соответственно [131].

Полиморфизм гена *RYRI* представлен двумя аллелями, а именно N и n . Частота генотипа NN в популяции из 1500 свиней породы крупная белая, скороспелая мясная 1, ландрас, дюррок и их помесей составила – 98,29%, частота генотипа Nn всего 1,71%; в результате этого встречаемость аллелей составила N – 0,992 и n – 0,008 [33, 58, 66].

При исследовании 66 гибридных свинок и хрячков кросса крупная белая × ландрас × дюррок отечественной и канадской селекции выявлено, что гетерозиготная форма Nn встречается только у животных отечественного происхождения с частотой 3%, в это время все гибриды канадского происхождения имеют только гомозиготный генотип доминантной формы (NN). Среди животных разного происхождения стрессчувствительный nn генотип не выявлен [43].

Наличие мутантного гена *RYR-1* у свиней приводит к повышению стрессчувствительности животных-носителей, а в дальнейшем к ряду неблагоприятных последствий в свиноводстве, высокому отходу поросят, снижению качества мяса (PSE: pale, soft, exudative – бледный, мягкий, водянистый) и, в общем, ухудшению выживаемости поросят. Исследования 25 хряков породы дюрок специализированной отцовской линии Дубка показали, что в представленном стаде хряков-производителей только гомозиготный стрессустойчивый генотип *NN*, других генотипов с рецессивным аллелем гена *RYR-1* не выявлено [73].

Сравнительные исследования по гену *RYR1* стрессустойчивых (*NN*) и стрессчувствительных (*Nn*) подсвинков породы ландрас показали, что у стрессустойчивых гомозигот преимущество по количеству мышечной ткани, выше по численности первичных пучков, площади первичного и вторичного пучка. Тогда как по количеству соединительной и жировой ткани, а также по межпучковому и внутripучковому жиру превосходили стрессчувствительные гетерозиготы, что связано с более активными процессами синтеза жира и углеводов в мышцах [59].

Выявлено, что гетерозиготы с генотипом *Nn* по сравнению с аналогами с генотипом *NN* имели более низкое качество мышечной ткани, в частности pH среды смещено в кислую сторону. При этом влагоудерживающая способность была достоверно выше у гомозигот *NN*, чем у гетерозигот *Nn* на 6,3-72 абс. % ($P < 0,001$) [33, 58, 66].

Анализ свиней по гену *RYR1* показал, что от гомозиготных животных с генотипом *nn* получено больше некачественного мяса (32%), а от аналогов с гомозиготным (*NN*) и гетерозиготным (*Nn*) генотипами эта величина была несколько ниже 13,64% и 11,36% соответственно [99].

Исследования свиней крупной белой породы и дюрок по влиянию генотипов гена *RYR1* на мясную продуктивность показали, что хорошо развитую мускулатуру туши и конечностей имели животные крупной белой породы с генотипом *Nn*, но при этом уступали по качеству мяса сверстницам с генотипом

NN. В породе дюрок низким содержание жира в туше и хорошим развитием мускулатуры характеризовались аналоги с генотипом *nn* [132].

Матки с *NN*-генотипом по *RYR1* превосходили аналогов с *Nn*-генотипом по развитию, то есть имели больше живую массу на 7,3 кг ($P>0,999$), длину туловища на 4,6 см ($P>0,999$), обхват груди за лопатками на 0,8 см ($P>0,95$), высоту в холке на 5,9 см ($P>0,999$), обхват пясти на 0,5 см ($P>0,999$), но в тоже время уступали по индексу растянутости на 16,8%, сбитости на 2,1%, грудному на 2,9%, костистости на 2,4%. Наряду с превосходством по экстерьеру животные с *NN*-генотипом по *RYR1* имели наилучшие воспроизводительные качества по сравнению со сверстницами с *Nn*-генотипом; межгрупповые различия по многоплодию, крупноплодности, молочности, числу поросят при отъёме и массе гнезда составили: 1,3 поросёнка ($P<0,001$), 0,04 кг ($P<0,05$), 0,8 кг ($P<0,05$), 0,9 гол. ($P<0,01$), 8 кг ($P<0,05$) соответственно [69].

У животных с генотипом *RYR1^{NN}* в сравнении с аналогами с *RYR1ⁿⁿ* выше количество рождённых (на 1,48 гол., $P<0,001$) и живых поросят (на 1,53 гол.) и ниже аварийных опоросов (на 1,9%) [25].

Наибольшей продолжительность супоросности характеризовались свиноматки с генотипом *NN* (334,8 дн.) гена *RYR1*, тогда как у самок с генотипом *Nn* (291,4 дн.) она была несколько ниже. При этом размер гнезда в возрасте 21 дн. тоже был выше у сверстниц с генотипом *NN* (9,53 поросят), чем животных с генотипом *Nn* (8,00 поросят) [85].

У свиноматок с генотипом *NN* гена *RYR1* рождалось больше поросят на 1,63 гол. ($P<0,05$), чем у сверстниц с генотипом *Nn*. При этом более высокая сохранность гнезда была также в пользу животных с генотипом *NN* на 8,4% [70].

Таким образом, представленный обзор данных по гену *RYR1* показал, что остаётся малоизученным вопрос генетического полиморфизма гена *RYR1* в чистопородных и помесных популяциях свиней Республики Татарстан. А также не в полной мере изучено влияние полиморфизма гена *RYR1* на хозяйственно-полезные признаки (репродуктивные, ростовые и качества мяса) свиней.

1.2.2 Генетический полиморфизм гена лептина (*LEP*) и его влияние на продуктивные качества свиней

Ген *LEP* у свиней расположен в 18 хромосоме [145]. Ген *LEP* может быть заявлен как маркер – кандидат на важные экономические признаки, используемые на повышение производства свинины, включая рост, увеличение количества жира и насыщенных жирных кислот в жировой ткани за счёт увеличения потребления корма [139].

При этом ген лептина (*LEP*) рассматривается в животноводстве как функциональный кандидат продуктивных качеств, из-за его важнейшей роли в энергетическом гомеостазе [124]. Наряду с этим, ген лептина (*LEP*) у свиней, ассоциируется с потреблением корма, ростом и толщиной шпика [138].

Геном лептина выражено гормональное управление преадипоцитов гиподермы и последующее регулирование размера жировых клеток у свиней [113].

Всё вышесказанное обусловлено тем, что геном *LEP* кодируется гормон лептин, который является одним из важных гормонов производных жировой ткани. Лептин регулирует в организме систему накопления жира и даёт косвенно сигнал «сытости» для желудка в гипоталамусе, а также участвует в регуляции массы тела и расхода энергии [96, 101, 136].

Лептин является основным гормоном жировой ткани, который участвует в регуляции гомеостаза энергии путём сигнализации головного мозга о запасе жира в организме [123].

Лептин считается одним из ключевых гормонов метаболизма липидов, влияющий на уровень развития жировой ткани у животного, в том числе и у свиней [149].

Ген *LEP* у свиней обладает аллельным полиморфизмом.

В трёх группах маток породы крупная белая ($n = 93$), дюрок ($n = 9$), пьетрен ($n = 15$) в Венгрии выявлены три генотипа *TT*, *TC* и *CC* гена *LEP*, однако среди представленных групп свиней отсутствовал генотип *CC* в породах дюрок и

пъетрен. Встречаемость аллелей *T* и *C* гена *LEP* по породам была 0,87 и 0,13; 0,83 и 0,17; 0,80 и 0,20 соответственно [102].

Среди 96 свиней белой улучшенной породы Словацкой Республики встречаемость генотипов *TT*, *TC*, *CC* и аллелей *T*, *C* гена *LEP* составила 0,5; 0,427; 0,073 и 0,71; 0,29 соответственно [84].

Исследования трёх популяций свиней в Польше показали, что частота встречаемости аллелей *T* и *C* гена *LEP* составила в породе ландрас 0,90 и 0,10, тогда как в породе крупной белой и синтетической линии 990 она была одинаковой и составила 0,89 и 0,11 [151].

Проведённый ДНК-анализ в трёх породах свиней позволил определить встречаемость аллелей *T* и *C* гена *LEP*, она соответственно составила 0,94 и 0,06 (ландрас), 0,91 и 0,09 (дюрок), 0,85 и 0,15 (йокшир) [108].

После экспериментов на помесных (польская крупная белая × ландрас) свиноматках отмечено, что встречаемость аллелей *C* и *T* гена *LEP* составила 0,10 и 0,90 соответственно [154].

В двух небольших популяциях свиней пород баскская чёрно-пёстрая ($n = 20$) и крупная белая ($n = 22$) в условиях Испании встречаемость аллеля *A* гена *LEP* составила по стадам 0,73 и 0 соответственно [83].

Анализируя популяцию, представленной из 121 помесной (белая мангалица × дюрок) особи (80 свинок и 41 хрячок) в условиях Венгрии показали, что в данном стаде были генотипы гена *LEP* *TT* (0,81), *TC* (0,19) и *CC* (0). При этом частота встречаемости аллеля *T* (0,90) гена *LEP* была в 9 раз выше аллеля *C* (0,10) [153].

При исследовании общего поголовья 446 свиней, включая 180 свиней породы дюрок (178 хрячков, 2 свинки), 132 свиньи породы ландрас (50 хрячков, 82 свинки) и 154 свиньи породы йоркшир (78 хрячков, 76 свинок) в Корее по полиморфизму гена *LEP/HindIII* получены следующие результаты: встречаемость генотипов и аллелей – 5,6% (*AA*), 40,0% (*AB*), 54,4% (*BB*) и 25,6% (*A*), 74,4% (*B*) по породе дюрок; 1,5% (*AA*), 28,8% (*AB*), 69,7% (*BB*) и 15,9% (*A*), 84,1% (*B*) по

породе ландрас и 1,3% (*AA*), 15,6% (*AB*), 83,1% (*BB*) и 9,1% (*A*), 90,9% (*B*) по породе йоркшир, соответственно [137].

Полиморфизм гена *LEP* в таких позициях как *c.846C>T* и *c.2863G>A* ассоциируется с массой брюшной области и толщиной шпика соответственно [120, 124].

Охарактеризован полиморфизм гена лептина (*LEP*) в четырёх позициях, а также дана оценка его ассоциации с экономически важными признаками свиней породы йоркшир, ландрас и дюрок. Исследования показали, что полиморфизм в позициях *A2845T* и *T3469C* могут быть связаны ($P < 0,0078$) с потреблением корма и ростом свиней породы ландрас [108].

Проведённые исследования в Италии на 356 и 256 свиных двухпородных (матки крупной белой породы × хряки коммерческого кросса № 1) и трёхпородных (матки крупной белой породы × хряки коммерческого кросса № 2 итальянского происхождения) кроссов показали, что по гену лептина особи с генотипами *TT* и *TA* достоверно ($P < 0,05$) уступали сверстницам с генотипом *AA* по среднесуточным приростам в период от рождения до отъёма. По среднесуточным приростам в период от рождения до 10 недельного возраста достоверно ($P < 0,05$) уступали животные с генотипом *TT* в сравнении с аналогами с генотипом *TA*. SNP промотора гена лептина [*T/C*] животные с генотипом *CC* и *TC* по среднесуточному приросту от рождения до отъёма не различались, но он был достоверно ниже, чем у животных с генотипом *TT* ($P < 0,05$). Достоверно меньший среднесуточный прирост от рождения до 10 недельного возраста отмечен только у животных с генотипом *CC* по сравнению с животными с генотипом *TC* ($P < 0,05$) [75].

Представлено обоснование того, что животные с генотипом *TC* гена *LEP* превосходили аналогов с генотипом *TT* по толщине шпика (39,2 мм против 38,3 мм), по среднесуточным приростам в период откорма (730 г против 683 г) и по живой массой (140,5 кг против 135,8 кг), тогда как по обхвату поясницы наоборот превосходство имели особи с генотипом *TT* (46,6 см против 44,3 см) [153].

По длине туловища, среднесуточному приросту, коэффициенту конверсии корма, толщине шпика, выходу мяса имели превосходство свиньи с генотипами *BB*, *AA*, *AA*, *AA*, *BB* гена *LEP* по породе ландрас, с генотипами (*AA* и *AB*), *AA*, *BB*, *AA*, *AA* гена *LEP* по породе йоркшир, с генотипами *AB*, *AA*, *BB*, (*AB* и *BB*), *AB* гена *LEP* по породе дюрок, соответственно. Причём достоверная разница ($P < 0,05$) животных с разными генотипами гена *LEP* выявлена только по среднесуточным приростам у особей породы дюрок [137].

Проведённые исследования по нахождению ассоциации полиморфизма *C798T*, *T2411C*, *T3266G* и *T3469C* гена лептина (*LEP*) с продуктивными признаками свиней показали, что полиморфный вариант *C798T* связан с общим количеством сосков ($P < 0,02$) и с количеством действующих сосков ($P < 0,03$). Тогда как вариант *T3469C* ассоциируется с массой в возрасте 21 дн. ($P < 0,03$), 42 дн. ($P < 0,05$), 63 дн. ($P < 0,02$) и 77 дн. ($P < 0,04$), а также связан с потреблением корма ($P < 0,01$), со среднесуточными приростами ($P < 0,01$), с конверсией корма ($P < 0,01$) и с убойной массой ($P < 0,03$) [91].

Исследования, проведённые на свиньях породы пьетрен показали, что животные с генотипом *TT* по гену *LEP* отличались меньшим отложением жира по сравнению с аналогами с генотипом *TC* [114].

Также доказано, что свиньи породы польский ландрас с разными генотипами по гену *LEP* различались по массе тела, среднесуточным приростам и проценту мышечной ткани. Животные с генотипом *CC* (114,00 кг и 596,50 г) превосходили сверстников с другими генотипами по массе тела (99,86-101,21 кг) и по среднесуточным приростам (558,56-584,90 г, $P \leq 0,05$). Однако особи с генотипом *CC* (55,30%) уступали аналогам с другими генотипами по гену *LEP* (56,35-57,36%, $P \leq 0,05$) по доли менее жирного мяса [112].

Проведённые исследования в Польше на 173 помесных свиноматках (крупная белая × польский ландрас) с разными генотипами *LEP* показали, что по количеству рождённых живых поросят выгодно отличались животные с генотипом *CC* (10,4 поросят); они превосходили по данному показателю аналогов с генотипами *TT* (9,0 поросят, при $P \leq 0,05$) и *TC* (9,4 поросят) на 1,4 и 1 поросёнка

соответственно. Межгрупповые различия свиней с разными генотипами *LEP* по биохимическим показателям крови выявлены только по содержанию глюкозы. Так, свиноматки с генотипом *TT* имели наибольшую концентрацию глюкозы – 61,0 мг/дл, а наименьшая концентрация отмечена у самок с генотипом *CC* – 54,7 мг/дл, причём сверстницы с генотипом *TC* имели промежуточное значение – 56,9 мг/дл. При этом между аналогами с генотипами *TT* и *TC* по концентрации глюкозы в крови отмечены значимые различия ($P \leq 0,05$) [160].

Экспериментально показано, что свиноматки с разными генотипами гена *LEP* по репродуктивным качествам, таким как количество родивших поросят и количество живых родившихся поросят, различия были незначительные и недостоверные [154].

Таким образом, представленный обзор данных по гену *LEP* показал, что остаётся неизученным вопрос генетического полиморфизма гена *LEP* в чистопородных и помесных популяциях свиней Республики Татарстан. А также не изучено влияние полиморфизма гена *LEP* на хозяйственно-полезные признаки (репродуктивные, ростовые и качества мяса) свиней.

1.2.3 Генетический полиморфизм гена белка, связывающего жирные кислоты (*H-FABP*) и его влияние на продуктивные качества свиней

Ген *FABP3* (*H-FABP*) у свиней расположен в 6 хромосоме. Его экспрессия происходит в различных тканях организма животного, но прежде всего в мышечной ткани сердца и скелетной мускулатуре. Этот ген относится к группе так называемым мультигенам, играющий важную роль в процессе β -окисления. Благодаря ему производится белок, отвечающий за транспорт и внутриклеточный метаболизм длинноцепочечных жирных кислот [127].

Полиморфизм гена *H-FABP* высоко ассоциируется с такими экономическими показателями, как среднесуточные приросты, конверсией корма и толщиной шпика у свиней [89].

Встречаемость желательного генотипа *dd* гена *H-FABP* среди свиней крупной белой породы российского происхождения составляет в среднем от 8,0-34,8% [28, 54].

Изучение полиморфизма у свиней Орловской области гена *H-FABP*, отвечающего за функциональные и технические характеристики, выявлено, что встречаемость значимого гомозиготного генотипа *dd* максимальная у животных породы ландрас – 100%, ниже у гибридных свиней (йоркшир × ландрас) – 74% и самая низкая у трёхпородных гибридов (ландрас × йоркшир × дюрок) – 40% [24].

Распределение аллелей *D* и *d* гена *H-FABP* среди свиней пород скороспелой мясной степного типа (СМ-1 СТ) и дюрок было неоднозначным. В популяциях 20 свиноматок, 5 хряков и 50 поросят пород скороспелой мясной и дюрок встречаемость аллелей *D* и *d* составила: по аллелю *D* 0,70-0,60-0,44 (СМ1 СТ) и 0,47-0,70-0,54 (дюрок) и по аллелю *d* 0,30-0,40-0,56 (СМ1 СТ) и 0,53-0,30-0,46 (дюрок) [62].

Исследования 66 гибридных свиней кросса крупная белая × ландрас × дюрок отечественной и канадской селекции по гену *H-FABP* показали, что наибольшая частота генотипа *dd* у гибридных животных отечественного происхождения (45,5%), против гибридов канадского происхождения (27,3%). Встречаемость гетерозиготного генотипа *Dd* среди особей отечественного и канадского происхождения составила 24,3% и 51,5% соответственно [43].

При ДНК-анализе 139 племенных и коммерческих свиней крупной белой породы в условиях Чешской Республики установлено, что встречаемость в геноме животных аллелей *D* и *d* гена *H-FABP* составил 0,6587 и 0,3413 у племенной группы и по 0,5000 у коммерческой группы, соответственно [156].

В исследуемых группах европейских свиней пород баскская чёрно-пёстрая ($n = 20$) и крупная белая ($n = 22$) встречаемость аллелей *D* и *d* гена *H-FABP* составила по стадам 0,58 и 0,42, 0,46 и 0,54 соответственно [83].

Проведённые исследования полиморфизма по *HaeIII* локуса гена *H-FABP* трёх популяций свиней, таких пород как белая «Junmi 1» ($n = 61$), дюрок ($n = 51$) и тибетская ($n = 51$) показали, что встречаемость аллелей *D* и *d* среди животных

на территории Китая составила 0,1475 и 0,8525, 0,2255 и 0,7745, 0,7647 и 0,2353 соответственно [161].

Встречаемость генотипов и аллелей гена *FABP3* среди коммерческих свиней породы дюрок ($n = 419$) и гибридов [(дюрок \times крупная белая) \times ландрас] \times дюрок ($n = 695$) составила *GG* – 0,08, *GC* – 0,44, *CC* – 0,48, *G* – 0,30 и *C* – 0,70 соответственно [129].

Аллельный полиморфизм гена *H-FABP* у изучаемых пород свиней Ставрополя представлен двумя вариантами – *D* и *H*. Отмечено, что для племенного разведения свиней на мясность предпочтительными являются животными с комплексными генотипами *ddHH* и *DdHH* [34].

При изучении гена *FABP3* (*H-FABP*) в позиции с.1811G<C исследования показали, что генотипы данного гена влияют на содержание внутримышечного жира и содержание шпика относительно мяса [127]. Также проведёнными исследования подтверждено влияние полиморфизма гена *H-FABP* на содержание внутримышечного жира у свиней [97, 128]. Доля внутримышечного жира составила: 2,83% (*DD*), 3,03% (*Dd*), 3,34% (*dd*) по породе беркшир [115], 3,70% (*DD*), 3,86% (*Dd*), 3,91% (*dd*) по местной вьетнамской чёрной породе [90], 2,00% (*DD*), 1,96% (*Dd*), 1,49% (*dd*) по породам польским крупной белой и ландрас [155]. Доля шпика при этом была: 2,397% (*DD*), 2,420% (*Dd*), 2,439% (*dd*) в породе беркшир [115], 3,405% (*DD*), 3,441% (*Dd*), 3,469% (*dd*) в местной вьетнамской чёрной породе [90], 1,75% (*DD*), 1,72% (*Dd*), 1,52% (*dd*) в породах польских крупной белой и ландрас [155].

По гену *H-FABP* свиньи с генотипом *RR* имели более высокие показатели по среднесуточным приростам в сравнении аналогами с генотипами *DR* и *DD*, а по коэффициентам конверсии корма показатели были противоположные. Однако по толщине шпика только животные с генотипом *DR* превосходил сверстниц с генотипом *RR* [89].

Анализируя литературные источники по гену *H-FABP*, группа авторов Budimir K., Djurkin I. Kusec, Lukie B. et al. в 2014 г. пришли к заключению, что ген *H-FABP* может выступать геном-кандидатом, оказывающий влияние на

содержание внутримышечного жира в свиных тушах, а также на внутриклеточные жирные кислоты, необходимые для построения белка сердца [87].

Исследования влияния генотипов животных по гену *FABP3* на потерю влаги при хранении туш свиней в течение 24 часов при 4⁰С показали, что туши помесных свиней [(дюрок × крупная белая) × ландрас] × дюрок с генотипом *GG* и *CC* имели меньше потерю влаги, чем туши животных с генотипом *GC* на 1,93% и 2,04% соответственно [129].

Мясо свиней с генотипом *dd* отличалось более высокой мраморностью по сравнению с мясом от животных с генотипами *DD* и *Dd* [43].

Установлено, что по скорости роста и развитию положительно выделяются поросята – носители в геноме аллеля *d* в гетерозиготном или гомозиготном состоянии гена *H-FABP*. Превосходство во время откорма молодняка обеих пород с генотипом *dd* над аналогами с генотипом *DD* проявляется ярче. Так, межгрупповая разница в пользу свиней с генотипом *dd* наблюдается по среднесуточным приростам, затратам корма на 1 кг прироста, массе парной туши при убое животных достигших 100 кг, а также по убойному выходу и составила 6,9%, 4,6%, 4,4%, 2,3% по СМ1 СТ и 4,2%, 10,2%, 2,4%, 3,04% по дюрок, соответственно [62].

Выявлено, что свиноматки с генотипом *dd* гена *H-FABP* по отношению со сверстницами с генотипами *Dd* и *DD* имели наилучшие величины многоплодия, молочности, сохранности поросят и комплексного показателя воспроизводительных качеств [49].

Исследования воспроизводительной способности свиноматок с разными генотипами гена *H-FABP* убедительно доказали, что наибольшее общее количество рождённых и живых поросят имели самки с генотипом *BB*, которые превосходили по этим показателям сверстниц с другими генотипам на 0,66-2,03 гол. и на 0,58-1,62 гол. соответственно [54].

В более поздних исследованиях на поголовье из 1500 свиней породы крупная белая, скороспелая мясная 1, ландрас, дюрок и их помесей с комплексным генотипом *ddHH* гена *H-FABP* возраст достижения молодняком

живой массы 100 кг в среднем наступал на 3-8 дн. раньше, чем аналогов с другими генотипами. Также затраты кормов на 1 кг прироста у свиней с комплексным генотипом *ddHH* гена *H-FABP* был достоверно ниже, в среднем на 4,4-10,3% ($P < 0,001$) [33, 58, 66].

Таким образом, представленный обзор данных по гену *H-FABP* показал, что остаётся малоизученным вопрос генетического полиморфизма гена *H-FABP* в чистопородных и помесных популяциях свиней Республики Татарстан. А также не в полной мере изучено влияние полиморфизма гена *H-FABP* на хозяйственно-полезные признаки (репродуктивные, ростовые и качества мяса) свиней.

1.2.4 Генетический полиморфизм гена меланокортинового рецептора 4 (*MC4R*) и его влияние на продуктивные качества свиней

Ген *MC4R* у свиней расположен в 1 хромосоме [110]. Рецептор меланокортина-4 (*MC4R*) является рецептором связывающий G-белок в центрах гипоталамуса, которые играют определённую роль в пищевом поведении, энергетическом гомеостазе и регуляции центральной нервной системы [135, 143].

Полиморфизм гена *MC4R* ассоциируется с откормочными свойствами и показателями мясной продуктивности [79].

Исследования полиморфизма G→A в позиции 1426 гена *MC4R* по 33 стадам 2072 свиней разных пород и селекции, а именно 9 популяций крупной белой породы отечественного, белорусского, канадского и французского происхождения, 8 популяций породы ландрас отечественного, голландского, датского, канадского и французского происхождения, 4 популяций породы дюрок датского, ирландского, канадского происхождения, 1 популяции породы йоркшир канадского происхождения и 1 популяции породы пьетрен французского происхождения, 1 популяции ливенской породы, 1 популяции породы боди, 6 типов межпородных кроссов показали, что встречаемость аллеля *A* гена *MC4R* варьирует от 0,067 в породе пьетрен до 0,933 в крупной белой породе французской селекции. В среднем частота встречаемости данного аллеля по

породам составила: крупная белая (0,758), ландрас (0,344) и дюрок (0,597) соответственно [36].

Среди 121 венгерской помесной свиньи (белая мангалица × дюрок) были следующие соотношения генотипов гена *MC4R* AA (0,18), AG (0,37) и GG (0,54). При этом встречаемость аллелей A и G гена *MC4R* составила 0,28 и 0,72 соответственно [153].

В данном исследовании были генотипированы 701 свинья и 28 кабанчиков иберийской породы, которое показало, что встречаемость аллеля G (Asp298) гена *MC4R* довольно высока среди свиноматок (0,92), при этом кабанчики были мономорфны по соответствующему аллелю [133].

При исследовании разных пород и породности свиней Кореи по полиморфизму гена *MC4R* в позиции 892A>G получены следующие результаты, что встречаемость генотипов AA, AG, GG составила: у чёрных свиней породы чеджу (n=19) 52,6%, 36,8%, 10,6%, в породе ландрас (n=17) 29,4%, 47,1%, 23,5%, у их помесей в F₁ поколении (n=70) 30,0%, 55,7%, 14,3% и у их помесей в F₂ поколении (n=различное) 37,0%, 49,2%, 13,8% соответственно [100].

Среди животных в США представленных 169 чистопородными йоркширскими свинками двух линий частота встречаемости аллелей G и A гена *MC4R* (p.Asp298Asn) составила 0,43-0,48 и 0,52-0,57 соответственно [93].

Проведённые исследования полиморфизма гена *MC4R* в двух кроссах свиней Хорватии: а. (дюрок × шведский ландрас) × пьетрен (n=25), б. (шведский ландрас × крупная белая) × пьетрен (n=21) показали, что частота встречаемости генотипов GG, AG, AA и аллелей G, A составила 43%, 55%, 2%, 0,70 и 0,30 для а.-кросса и 61%, 39%, 0%, 0,80 и 0,20 для б.-кросса соответственно [143].

Определение аллельного полиморфизма D и N по гену *MC4R* в четырёх коммерческих породах свиней Кореи показало, что почти одинаковая встречаемость аллелей среди 618 дюроков и 192 йоркширов (0,25-0,28 по D и 0,72-0,75 по N), а также схожая картина между 127 ландрасами и 66 беркширами (0,68-0,76 по D и 0,24-0,32 по N) [109].

Частота аллелей среди 1155 свиней – потомства четырёх кроссов, полученного от гибридных (ландрас × крупная белая) свиноматок и хряков пород крупной белой и пьетрен была на уровне: 0,69 для *G*-аллеля (вариант 298Asp или распространённый вариант) и 0,31 для *A*-аллеля (вариант 298Asn или мутированный вариант) [158].

На основании ПЦР-ПДФ-анализа по гену *MC4R* в группе 60 помесных свиней пород крупная белая × ландрас немецкой линии × дюрок, определены максимальная частота животных с формой генотипа *AB* – 35 (59,70%) и минимальная частота с формой генотипа *AA* – 11 (17,91%). В популяции свиней, где проводился генетический анализ аллельный полиморфизм по гену *MC4R* был следующим: *A* – 0,475 и *B* – 0,525 [125].

Исследования по определению полиморфизма гена *MC4R* в позициях *MC4R c.707A>G* и *MC4R c.892A>G* среди свиней 8 популяций Кореи показали, что встречаемость аллелей *A* и *G* составили у 14-16 корейских свиней 0-0,14 (*A*) и 0,89-1,0 (*G*), 8 йоркширов 0,06-0,81(*A*) и 0,19-0,94 (*G*), 7 ландрасов 0-0,68 (*A*) и 0,32-1,0 (*G*), 8 дюроков 0-0,87 (*A*) и 0,13-1,0 (*G*), 8-279 беркширов 0-0,29 (*A*) и 0,71-1,0 (*G*), 347 помесей корейская × йоркшир 0,05-0,45 (*A*) и 0,55-0,95 (*G*), 96-253 помесей корейская × ландрас 0-0,51 (*A*) и 0,49-1,0 (*G*), 270-292 свиней Додрам 0,02-0,53 (*A*) и 0,47-0,98 (*G*) [104].

Определение среди 86 филиппинских свиней генотипов и аллелей, образованных структурными единицами *G→A* гена *MC4R* показало, что встречаемость генотипов и аллелей составила *GG* – 40,9%, *AG* – 42,7%, *AA* – 16,4% и *G* – 0,623, *A* – 0,377 соответственно [130].

Среди 105 свиней породы ландрас, пьетрен, крупной белой и их помесей Бельгии частота встречаемости аллеля *MC4R c.893G* составила в среднем 0,61-0,66, а аллеля *MC4R c.893A* 0,34-0,39 [146].

Исследования частот аллелей и генотипов гена *MC4R* у 119 польских свиноматок породы ландрас и 107 маток польской крупной белой породы, показали, что в крупной белой породе большинство животных имели генотип *MC4R^{AA}* (61,68%), последующие это генотипы *MC4R^{AG}* (34,58%) и *MC4R^{GG}*

(3,74%). По породе ландрас была противоположная картина; большинство животных обладали генотипом $MC4R^{GG}$ (63,03%) и меньшинство с генотипом $MC4R^{AA}$ (6,72%). Тогда как по встречаемости аллелей большинство имели $MC4RA$ (78,97%) в популяции крупной белой породы и $MC4RG$ (78,15%) в стаде породы ландрас [152].

Проведённые исследования в стадах свиней и диких кабанов по частоте встречаемости аллелей A и G гена $MC4R$ показали, что встречаемость составила по иберийской породе ($n=48$) 0,063 и 0,937, по породе дюрок ($n=181$) 0,000-0,155 и 0,845-1,000, по породе пьетрен ($n=98$) 0,035 и 0,965, по помесям крупной белой \times пьетрен ($n=73$) 0,240 и 0,760 и по диким кабанам ($n=6$) 0,000 и 1,000 соответственно [88].

Встречаемость аллеля $p.D298N$ гена $MC4R$ в популяциях итальянской крупной белой породы на протяжении нескольких лет увеличивается. На отрезке 1992-1995 гг. частота данного аллеля была 0,575, тогда как на промежутке 2008-2010 гг. частота этого аллеля возросла и составила 0,826. В последний временной период частота аллеля $p.D298N$ примерно возросла на 25% [94, 95].

Детектированы все три генотипа по гену $MC4R$ среди 232 свиней коммерческой популяции (трёхпородные гибриды – ландрас, йоркшир и дюрок) Кореи, а именно AA – 30,6%, AG – 47,8% и GG – 21,6%. Тогда как встречаемость аллелей A и G составила 0,55 и 0,45 соответственно [107].

По результатам ДНК-генотипирования 66 хрячков породы ландрас выявлено наличие всех трёх возможных генотипов AA , AG и GG гена $MC4R$. Отмечено, что самая низкая частота в популяции животных с генотипом AA (6,2%) и почти схожая у аналогов с генотипами AG (49,2%) и GG (44,6%). Частота встречаемости A и G аллелей составила 0,308 и 0,692 соответственно [81].

Высоким генетическим разнообразием по гену $MC4R$ установлено в популяции крупной белой породы Украины. Так содержание аллеля A гена $MC4R$ по разным группам животных было в пределах от 0,60 до 0,83. В стаде выявлены все возможные генотипы: AA (58%), AG (37%) и GG (5%) [47].

Среди исследуемых 141 свиноматки крупной белой породы Республики Татарстан по гену *MC4R* выявлено, что носителей с желательным генотип *BB* было 52,5%, остальных генотипов *AB* – 40,4% и *AA* – 7,1%. Частота встречаемости аллелей *A* и *B* находилась на уровне 0,27 и 0,73 соответственно [27].

Представлены результаты говорят о том, что наличие в геноме *A* аллеля гена *MC4R* связана с более высокими толщиной шпика (44,0-40,7 мм против 35,9 мм), среднесуточными приростами при откорме (697-726 г против 683 г) и живой массой (137,8-140,9 кг против 135,2 кг), тогда как *G* аллеля ассоциируется с наибольшим обхватом поясницы (45,1-47,3 см против 43,8 см) [153].

Аллель *G* (*Asp298*) гена *MC4R* значительно повышает среднесуточные приросты в период откорма и увеличивает содержание внутримышечного жира ($P < 0,10$) [133].

Отмечено, что среди помесей чежду × ландрас в F_2 поколении животные с гомозиготным *AA* генотипом гена *MC4R* превосходили своих аналогов с другими генотипами по длине тела на 3 см [100].

При исследовании по гену *MC4R* 122 коммерческих помесных свиной в Бразилии выявлено, что гетерозиготы в сравнении с гомозиготам с не мутированным генотипом превосходили по рН мяса после 120 ч после убоя на 0,04 ($P < 0,08$) и наличие вкуса в свинине на 0,31 балла ($P < 0,02$), но уступали по отсутствию вкусовых качеств в свинине на 0,45 баллов ($P < 0,08$) [98].

Ни один аллель гена *MC4R* не имеет явного преимущества по толщине шпика и массе свиной, однако аллель *G* ассоциировался с цветом мяса [134].

Исследования, проведённые в Швеции на гибридах (свиной крупной белой породы × дикий кабан) не выявили значительного влияния полиморфизма гена *MC4R* на упитанность животных [135].

Определено влияние гена *MC4R* на течение стрессовой реакции и состав туши свиной; исследования показали, что у гетерозиготных (*AG*) свиной пониженная активность АСТ, уровень ($P < 0,05$) кортизола и лактата, но более высокое содержание красных кровяных телец и гемоглобина ($P < 0,10$) по сравнению с аналогами с гомозиготным генотипом *GG* [143].

Животные с генотипом *NN* гена *MC4R* превосходили аналогов с другими генотипами по среднесуточным приростам на 8,90-19,27 г и по толщине шпика на 0,05-0,08 см ($P<0,05$), но несколько уступали по конверсии корма на 0,0314-0,0336% ($P<0,05$) [109].

При исследовании влияния полиморфизма генов *MC4R* на убойные качества свиней, установлено, что наибольшая масса парной туши у свиней с генотипом *AA* (111,37 кг), а наименьшая у аналогов с генотипом *AB* (110,37 кг). При этом толщина шпика у животных с генотипом *AA* достоверно выше ($P<0,05$) в сравнении с особями с генотипом *AB*, то есть толщина в 21,50 мм против 19,60 мм. По толщине мышц выгодно отличались ($P<0,001$) свиньи с генотипом *AA* (82,83 мм), они превосходили животных с генотипом *BB* на 6,70 мм [125].

Свиньи с мутацией в гене *MC4R* быстрее растут, имеют больше среднесуточный прирост, толщину жира и быстрее достигают убойной массы в 110 кг. Ген *MC4R* однозначно влияет на состав туши, рост и мясные качества свиней [87].

Ген *MC4R* один из немногих генов с известными эффектами на содержание и распределение жира в свиной туше и непосредственно в свинине. Ген *MC4R* оказывает аддитивное действие на содержание жирных кислот во многих мышцах свиней [121].

Свиньи, имеющие генотип *AA* гена *MC4R* обладали большей толщиной шпика, чем аналоги с генотипом *AG*. Кроме этого, гетерозиготы с генотипом *AG* имели меньше изменения основного азота в свинине после 14 дн. хранения в сравнении с животными других генотипов *MC4R* [107].

Показатели мясной продуктивности в зависимости от генотипа по *MC4R* у свиней разных пород и происхождения реализуются по-разному. В частности большинство исследованных групп свиней особи с *AA* генотипом имели больше толщину шпика и длину туши, чем аналоги с генотипом *GG* [36].

Свиньи с *AG* генотипом гена *MC4R* по сравнению с *AA* гомозиготами имели на 6,54% больше среднесуточные приросты. Тогда как свиньи с *AA* генотипом в сравнении с *GG* гомозиготами имели превосходство по выходу мяса на 11,54%.

Разница в возрасте при достижении живой массы в 100 кг между *AA* генотипом и *AG* гетерозиготами составила 7,7% [47]. Схожие результаты превосходства по среднесуточным приростам выявлено у свиней с генотипом *AG* гена *MC4R* [51].

Матки с генотипом *MC4R^{BB}* имели наилучшие показатели репродуктивности; так сохранность поросят к моменту отъёма у этих животных достиг 93,1% [27].

Таким образом, представленный обзор данных по гену *MC4R* показал, что остаётся малоизученным вопрос генетического полиморфизма гена *MC4R* в чистопородных и помесных популяциях свиней Республики Татарстан. А также не в полной мере изучено влияние полиморфизма гена *MC4R* на хозяйственно-полезные признаки (репродуктивные, ростовые и качества мяса) свиней.

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).



Рисунок 1 – Схема исследования

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.

С учётом принципа аналогов [56] 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.».

Показатели продуктивности свиноматок с разными генотипами и комбинациями *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R* изучались у животных, находящихся в одинаковых условиях содержания и кормления.

В КФХ «Пашков С.И.» рационы кормления свиноматок составляются с учётом норм и рационов кормления сельскохозяйственных животных [31]. В кормлении подсосных свиноматок КФХ «Пашков С.И.» использовали полнорационный комбикорм СПК-2-28. Состав полнорационного комбикорма СПК-2-28 (%): пшеница – 45,0%, ячмень – 22,7%, горох – 6,0%, шрот соевый 46% СП – 8,5%, жмых подсолнечный 36% СП – 5,9%, масло подсолнечное – 3,1%, монокальций фосфат – 1,1%, известняковая мука – 1,7%, БВМД1429 – 6,0%. На 1 кг полнорационного комбикорма приходится 13,7 Мдж, 3270 ккал, сырого протеина – 16,68%, сырой клетчатки – 4,41%, лизина – 1,02%, метионин + цистин – 0,58%, кальция – 1,09%, фосфора – 0,64%, натрия хлорида – 0,07%. В летний период свиноматкам наряду с комбикормом также в рацион включали зелёную массу.

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 [5].

Анализ локуса гена *PRLR* при проведении ПЦР-ПДРФ. ПЦР проводили на программируемом термоциклере «Терцик» (Россия) в объёме 20 мкл, содержащей буфер (60 мМ трис-НСl (рН 8,5), 1,5 мМ MgCl₂, 25 мМ KCl, 10 мМ меркаптоэтанол; 0,1 мМ тритон X-100), 0,125 мМ dNTP, 1 ед. Taq ДНК полимеразы, по 0,5 мкМ праймеров PRLR1 и PRLR2 [119] для амплификации фрагмента гена *PRLR* длиной 161 пар нуклеотидов (таблица 1, рисунок 2), 1 мкл пробы ДНК в следующем режиме:

- ×1: 94 °С – 4 мин; ×40: 94 °С – 5 сек, 65 °С – 5 сек, 72 °С – 5 сек;
- ×1: 72 °С – 5 мин; хранение: 4 °С [55].

Таблица 1 – Серия праймеров для определения генотипа свиней по гену *PRLR* при постановке ПЦР-ПДРФ

Праймеры	Цельный ПЦР продукт (bp)	Продукты рестрикции ферментом <i>AluI</i>		
		<i>AA</i>	<i>BB</i>	<i>AB</i>
PRLR1: 5'-CGGCCGCAGAATCCTGCTTGC-3' PRLR2: 5'-ACCCACCTTGTAACCCATCATCC-3' [119]	161	126 35	91 35	126 91 35

Для определения аллельного полиморфизма гена *PRLR* по вариантам *A* и *B* 20 мкл ПЦР пробы обрабатывали 2 ед. эндонуклеазы рестрикции *AluI* в 1×буфере «У» фирмы СибЭнзим (Россия) при 37°С 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.

После электрофореза гель просматривали в УФ-трансиллюминаторе при длине волны 310 нм. Идентификацию генотипов *PRLR* определяли по количественным и качественным признакам ПЦР-ПДРФ-анализа.

Анализ локуса гена *ESR* при проведении ПЦР-ПДРФ. ПЦР проводили на программируемом термоциклере «Терцик» (Россия) в объёме 20 мкл, содержащей буфер (60 мМ трис-НСl (рН 8,5), 1,5 мМ MgCl₂, 25 мМ KCl, 10 мМ меркаптоэтанол; 0,1 мМ тритон X-100), 0,125 мМ dNTP, 1 ед. Taq ДНК

полимеразы, по 0,5 мкМ праймеров ESR-F и ESR-R [106] для амплификации фрагмента гена *ESR* длиной 185 пар нуклеотидов (таблица 2, рисунок 3), 1 мкл пробы ДНК в следующем режиме:

×1: 94 °С – 4 мин; ×40: 94 °С – 5 сек, 65 °С – 5 сек, 72 °С – 5 сек;

×1: 72 °С – 5 мин; хранение: 4 °С [55].

Таблица 2 – Серия праймеров для определения генотипа свиней по гену *ESR* при постановке ПЦР-ПДФ

Праймеры	Цельный ПЦР продукт (bp)	Продукты рестрикции ферментом <i>Ama87I</i>		
		MM	WW	MW
ESR-F: 5'-CCCTCTATGACCTGCTGCTG-3' ESR-R: 5'-TCAGATTGTGGTGGGGAAGTTC-3', [106]	185	76 62 47	109 76	109 76 62 47

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 37°С в течение ночи.

Для визуализации фрагментов ДНК пробы вносили в лунки 3% агарозного геля с содержанием этидия бромид (0,5 мкг/мл) и проводили горизонтальный электрофорез при 15 В/см в течение 40 мин в 1×ТВЕ буфере.

После электрофореза гель просматривали в УФ-трансиллюминаторе при длине волны 310 нм. Идентификацию генотипов *ESR* определяли по количественным и качественным признакам ПЦР-ПДФ.

Анализ локуса гена *RYR1* при проведении ПЦР-ПДФ. ПЦР проводили на программируемом термоциклере «Терцик» (Россия) в объеме 20 мкл, содержащей буфер (60 мМ трис-НСl (рН 8,5), 1,5 мМ MgCl₂, 25 мМ KCl, 10 мМ меркаптоэтанол; 0,1 мМ тритон X-100), 0,25 мМ dNTP, 1 ед. Taq ДНК полимеразы, по 0,5 мкМ праймеров RYR1-F и RYR1-R [122] для амплификации фрагмента гена *RYR1* длиной 144 пары нуклеотидов (таблица 3, рисунок 4), 1 мкл пробы ДНК в следующем режиме:

×1: 94 °С – 4 мин; ×40: 94 °С – 10 сек, 56 °С – 10 сек, 72 °С – 10 сек;

×1: 72 °С – 7 мин; хранение: 4 °С [4, 15].

Таблица 3 – Серия праймеров для определения генотипа свиней по гену *RYR1* при постановке ПЦР-ПДРФ

Праймеры	Цельный ПЦР продукт (bp)	Продукты рестрикции ферментом <i>HspAI</i>		
		<i>NN</i>	<i>Nn</i>	<i>nn</i>
RYR1-F: 5'-CCACACCCTCCCCGCAAGTGC-3' RYR1-R: 5'-GCCAGGGAGCAAGTTCTCAGTAAT-3', [122]	144	102 42	144 102 42	144

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 4% 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.

После электрофореза гель просматривали в УФ-трансиллюминаторе при длине волны 310 нм. Идентификацию генотипов *RYR1* определяли по количественным и качественным признакам ПЦР-ПДРФ.

Анализ локуса гена *LEP* при проведении ПЦР-ПДРФ. ПЦР проводили на программируемом термоциклере «Терцик» (Россия) в объёме 20 мкл, содержащей буфер (60 mM трис-HCl (pH 8,5), 1,5 mM MgCl₂, 25 mM KCl, 10 mM меркаптоэтанол; 0,1 mM тритон X-100), 0,25 mM dNTP, 1 ед. Taq ДНК полимеразы, по 0,5 мкМ праймеров LEPs-F и LEPs-R [112] для амплификации фрагмента гена *LEP* длиной 152 пар нуклеотидов (таблица 4, рисунок 5), 1 мкл пробы ДНК в следующем режиме:

×1: 94 °С – 4 мин;

×40: 94 °С – 30 сек, 55 °С – 30 сек, 72 °С – 30 сек;

×1: 72 °С – 5 мин; хранение: 4 °С [14].

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

Таблица 4 – Серия праймеров для определения генотипа свиней по гену *LEP* при постановке ПЦР-ПДФ

Праймеры	Цельный ПЦР продукт (bp)	Продукты рестрикции ферментом <i>HinfI</i>		
		CC	TT	CT
LEPs -F: 5'-TGCAGTCTGTCTCCTCCAAA-3' LEPs -R: 5'-CGATAATTGGATCACATTTCTG-3', [112]	152	84/68	152	152 84 68

После электрофореза гель просматривали в УФ-транслюминаторе при длине волны 310 нм. Идентификацию генотипов *LEP* определяли по количественным и качественным признакам ПЦР-ПДФ.

Анализ локуса гена *H-FABP* при проведении ПЦР-ПДФ. ПЦР проводили на программируемом термоциклере «Терцик» (Россия) в объёме 20 мкл, содержащей буфер (60 mM трис-HCl (pH 8,5), 1,5 mM MgCl₂, 25 mM KCl, 10 mM меркаптоэтанол; 0,1 mM тритон X-100), 0,25 mM dNTP, 1 ед. Taq ДНК полимеразы, по 0,5 мкМ праймеров H-FABP-F и H-FABP-R [117] для амплификации фрагмента гена *H-FABP* длиной 800 пар нуклеотидов (таблица 5, рисунок 6), 1 мкл пробы ДНК в следующем режиме:

- ×1: 94 °C – 4 мин; ×40: 94 °C – 30 сек, 60 °C – 30 сек, 72 °C – 30 сек;
- ×1: 72 °C – 10 мин; хранение: 4 °C [55].

Таблица 5 – Серия праймеров для определения генотипа свиней по гену *H-FABP* при постановке ПЦР-ПДФ

Праймеры	Цельный ПЦР продукт (bp)	Продукты рестрикции ферментом <i>HaeIII</i>		
		AA	BB	AB
H-FABP-F: 5'-ATTGCTTCGGTGTGTTTGAG-3' H-FABP-R: 5'-TCAGGAATGGGAGTTATTGG-3', [117]	800	683 117	405 278 117	683 405 278 117

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

После электрофореза гель просматривали в УФ-трансиллюминаторе при длине волны 310 нм. Идентификацию генотипов *H-FABP* определяли по количественным и качественным признакам ПЦР-ПДФ.

Анализ локуса гена *MC4R* при проведении ПЦР-ПДФ. ПЦР проводили на программируемом термоциклере «Терцик» (Россия) в объеме 20 мкл, содержащей буфер (60 мМ трис-НСl (рН 8,5), 1,5 мМ MgCl₂, 25 мМ KCl, 10 мМ меркаптоэтанол; 0,1 мМ тритон X-100), 0,25 мМ dNTP, 1 ед. Taq ДНК полимеразы, по 0,5 мкМ праймеров *MC4R-F* и *MC4R-R* [117] для амплификации фрагмента гена *MC4R* длиной 226 пар нуклеотидов (таблица 6, рисунок 7), 1 мкл пробы ДНК в следующем режиме:

- ×1: 94⁰С – 4 мин; ×40: 94⁰С – 15 сек, 55⁰С – 15 сек, 72⁰С – 15 сек;
- ×1: 72⁰С – 7 мин; хранение: 4⁰С [55].

Таблица 6 – Серия праймеров для определения генотипа свиней по гену *MC4R* при постановке ПЦР-ПДФ

Праймеры	Цельный ПЦР продукт (bp)	Продукты рестрикции ферментом <i>TagI</i>		
		<i>AA</i>	<i>BB</i>	<i>AB</i>
MC4R-F: 5'-ТАСССТGACCАТСТТGАТТG-3' MC4R-R: 5'-АТАGСААСAGАТGАТСТСТТТG-3', [117]	226	226	156 70	226 156 70

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 65⁰С 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×ТВЕ буфере.

После электрофореза гель просматривали в УФ-трансиллюминаторе при длине волны 310 нм. Идентификацию генотипов *MC4R* определяли по количественным и качественным признакам ПЦР-ПДРФ.

Встречаемость аллелей и генотипов *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *H-FABP*, *MC4R* и *LEP* определяли по формулам [2, 50]:

$p = n : N$ (1), где p – частота определения генотипа, n – количество особей, имеющих определённый генотип, N – число особей.

Частоту отдельных аллелей определяли по формулам:

$p_A = (2n_{AA} + n_{AB}) : 2N$ (2) и $q_B = (2n_{BB} + n_{AB}) : 2N$ (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 [50, 57]. 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 [1]:

$O = 1 - (p_A^2 + q^2)$ (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 свиноматок с разными комбинациями генотипов генов

PRLR, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R* осуществляли по методическим рекомендациям Шмакова Ю.И. и др. [82], при этом учитывали методику расчёта фактической стоимости поросят на день вынужденного убоя, в нашем случае на день отъёма молодняка от матерей [53]. Применяли следующие формулы:

$$\text{Э} = \text{Ц} \times \text{С} \times \text{П} \times \text{Л} \times \text{К} / 100 \quad (6)$$
, где Э - экономическая эффективность, руб.; Ц – цена 1 кг живой массы свиней, руб. (по Республике Татарстан она в среднем составляет – 120 руб.); С – 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; П – прибавка основной продукции, %; Л – постоянный коэффициент уменьшения результата, связанный с дополнительными затратами на прибавочную продукцию, равный 0,75; К – количество животных.

$$У1 = М \times (\text{Сп} + \text{ВпТЦ}) \quad (7)$$
, 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.

$$\text{Сп} = 10,9 \times \text{Ц} \quad (8)$$
, 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 [50] 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'-CGGCCGCGAGAATCCTGCTTGC-3' и PRLR2: 5'-ACCCACSTTGTAACCCATCATCC-3' [119] по усовершенствованной нами технике ПЦР-ПДРФ [55] (см. «2. Материалы и методы исследования»).

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).

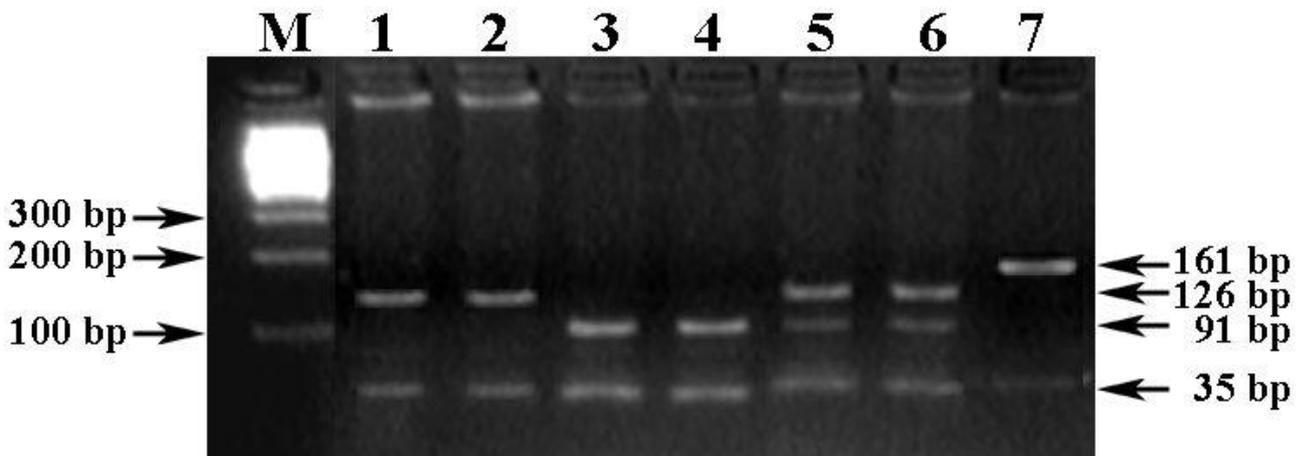


Рисунок 2 – Электрофореграмма результата ПЦР-ПДРФ гена *PRLR* с праймерами PRLR1+PRLR2 и эндонуклеазным расщеплением ферментом

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'-TCAGATTGTGGTGGGGAAGTTC-3' [106] по усовершенствованной нами технике ПЦР и ПЦР-ПДРФ [55] (см. «2. Материалы и методы исследования»).

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).

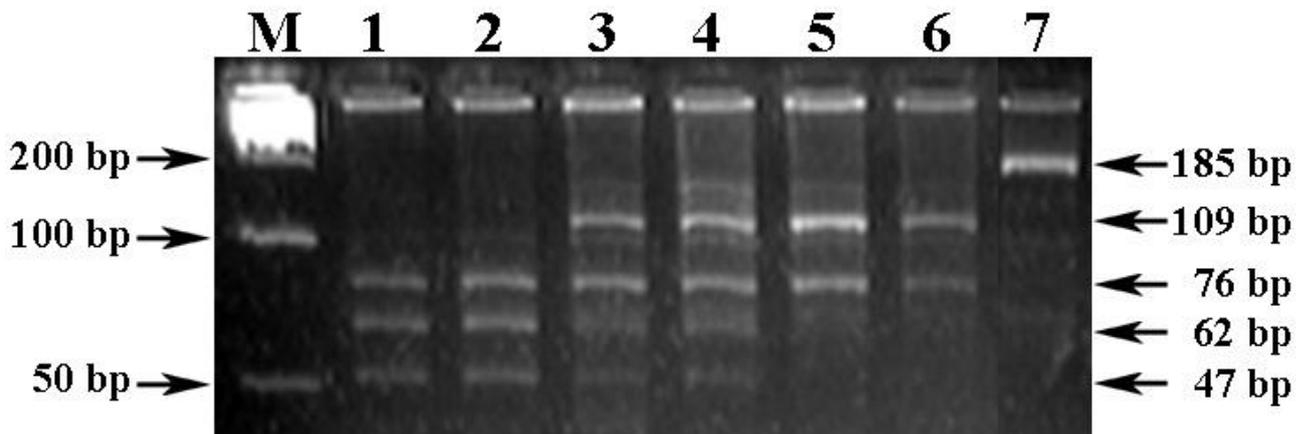


Рисунок 3 – Электрофореграмма результата ПЦР-ПДРФ гена *ESR* с праймерами ESR-F+ESR-R и эндонуклеазным расщеплением ферментом

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 известного способа проведения ПЦР и ПЦР-ПДФ для идентификации аллельных вариантов гена *RYR1* у свиней

Для оценки качества работы известного протокола по генотипированию свиней по гену *RYR1* нами была апробирована серия олигонуклеотидных праймеров: RYR1-F: 5'-CCACACCCTCCCCGCAAGTGC-3' и RYR1-R: 5'-GCCAGGGAGCAAGTTCTCAGTAAT-3' [122] техникой ПЦР и ПЦР-ПДФ [4, 15] (см. «2. Материалы и методы исследования»).

Праймеры RYR1-F+RYR1-R инициируют амплификацию фрагмента гена *RYR1* свиней длиной 144 bp, а *RYR1*-ПДФ-*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.

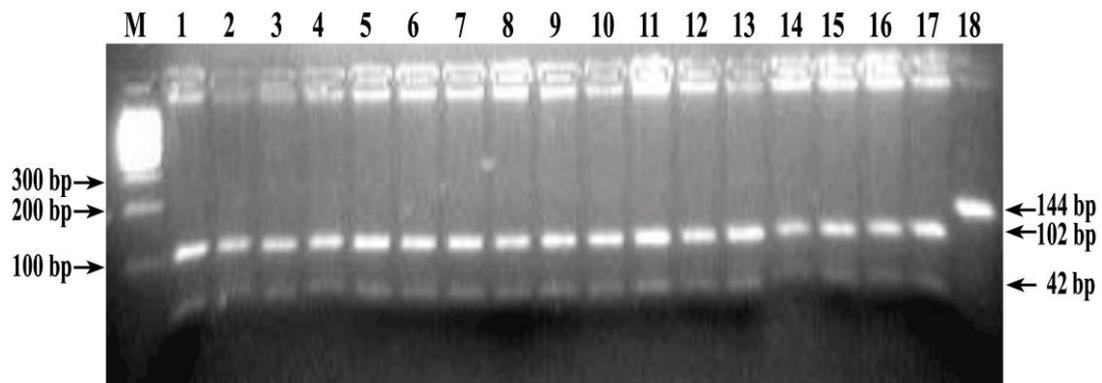


Рисунок 4 – Электрофореграмма результата ПЦР-ПДФ гена *RYR1* с праймерами RYR1-F+RYR1-R и эндонуклеазным расщеплением *HspAI*

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 ПДФ 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' [112] по усовершенствованной нами технике ПЦР и ПЦР-ПДРФ [14] (см. «2. Материалы и методы исследования»).

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).

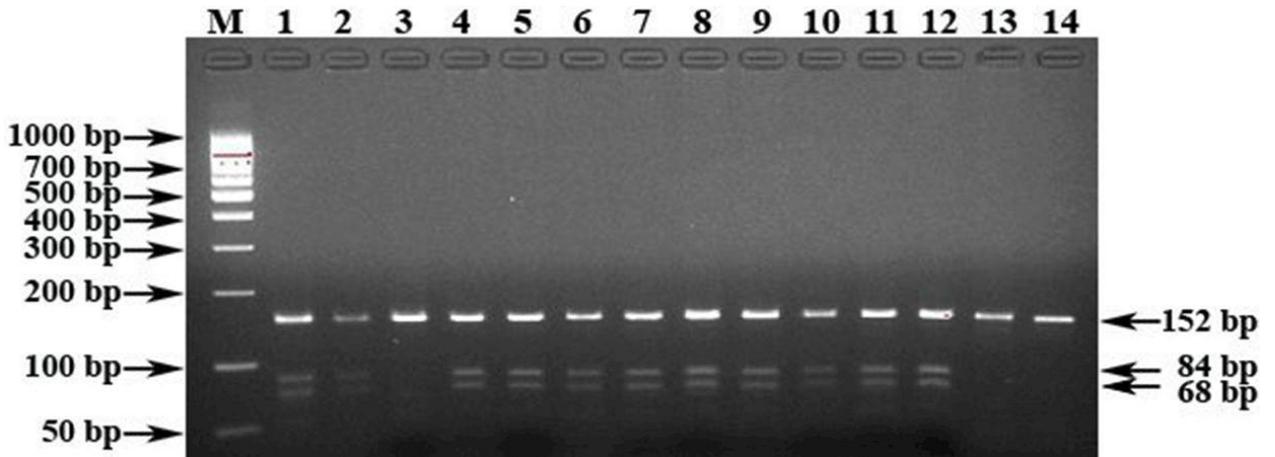


Рисунок 5 – Электрофореграмма результата ПЦР-ПДРФ гена *LEP* с праймерами LEPs-F+LEPs-R и эндонуклеазным расщеплением ферментом *HinfI*

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' [117] по усовершенствованной нами технике ПЦР и ПЦР-ПДРФ [55] (см. «2. Материалы и методы исследования»).

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).

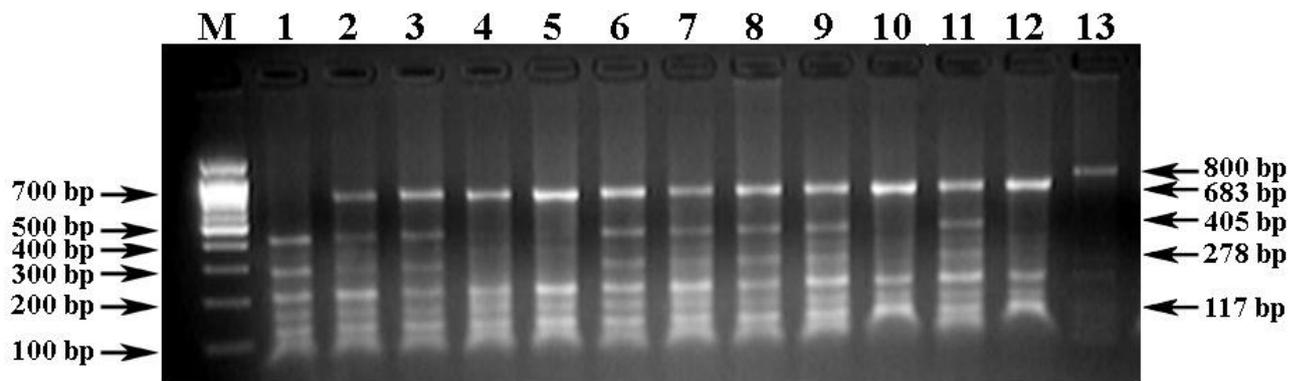


Рисунок 6 – Электрофореграмма результата ПЦР-ПДРФ гена *H-FABP* с праймерами *H-FABP-F+H-FABP-R* и эндонуклеазным расщеплением ферментом *HaeIII*

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'-ТАСССТГАССАТСТТГАТТГ-3' и *MC4R-R*: 5'-АТАГСААСАГАТГАТСТСТТТГ-3' [117] по усовершенствованной нами технике ПЦР и ПЦР-ПДРФ [55] (см. «2. Материалы и методы исследования»).

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).

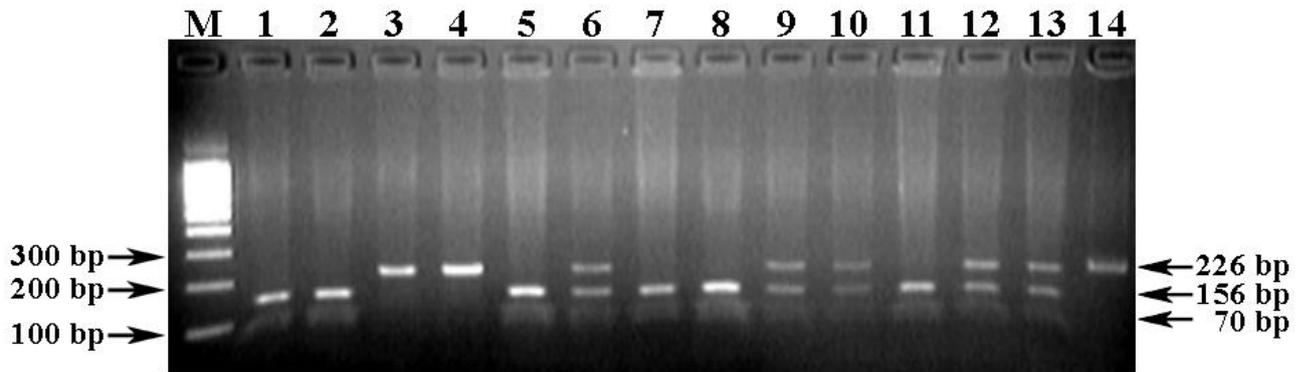


Рисунок 7 – Электрофореграмма результата ПЦР-ПДРФ гена *MC4R* с праймерами *MC4R-F+MC4R-R* и эндонуклеазным расщеплением ферментом *TaqI*

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 генов *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R* у свиноматок

В настоящее время известно большое количество работ по изучению нуклеотидного разнообразия на уровне последовательности ДНК. Практически все известные гены имеют полиморфные участки. При этом давление отбора по признакам продуктивности, устойчивости к различным болезням может привести к изменению генетической структуры популяции. Поэтому при изучении генофонда пород необходимо проводить систематичный мониторинг структуры популяций животных по возможно большему числу полиморфных локусов [46].

Учитывая выше сказанное, нами исследовались варианты последовательности ДНК в локусах генов *PRLR*, *H-FABP*, *MC4R* (аллели *A* и *B*), *ESR* (аллели *W* и *M*), *RYR1* (аллели *N* и *n*) и *LEP* (аллели *T* и *C*) у свиней.

2.2.7.1 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 [13] (таблица 7).

Таблица 7 – 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

Более наглядно соотношение генотипов по гену *PRLR* в популяции помесных свиноматок показано на рисунке 8.

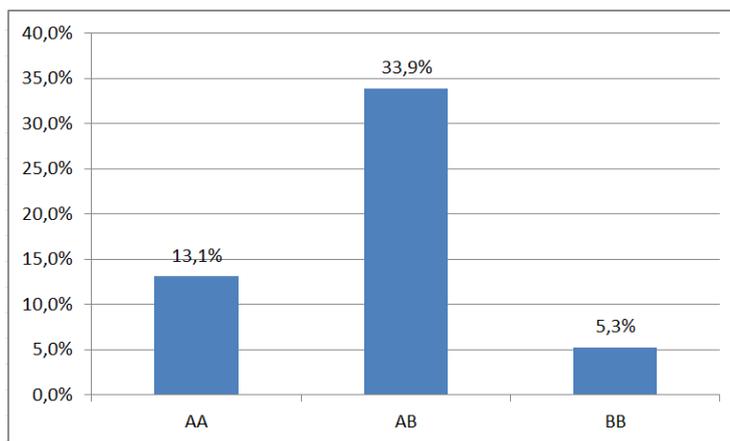


Рисунок 8 – Встречаемость генотипов гена *PRLR* у свиноматок

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

2.2.7.2 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 [13] (таблица 8).

Таблица 8 – 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

Более наглядно соотношение генотипов по гену *ESR* в популяции помесных свиноматок показано на рисунке 9.

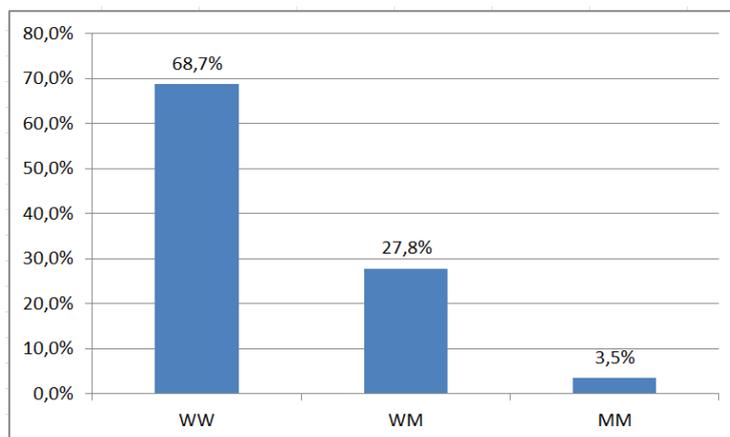


Рисунок 9 – Встречаемость генотипов гена *ESR* у свиноматок

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.

2.2.7.3 Генетический полиморфизм гена *RYR1* у свиноматок

Исследования на уровне генома выборки из 115 помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок показали, что распределение по встречаемости генотипов и аллелей гена *RYR1* было следующим: *RYR1 NN*-генотип – 115 (100,0%) и *RYR1 N*-аллель – 1,0 соответственно [74].

Анализ встречаемости разных аллелей и генотипов гена *RYR1* по *HspAI*-маркеру показал, что в изученной группе помесных (йоркшир × ландрас) свиноматок был только *N*-аллель и гомозиготный генотип *NN*.

2.2.7.4 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 [14] (таблица 9).

Таблица 9 – Частота встречаемости генотипов и аллелей гена *LEP* у свиней

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

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

Более наглядно соотношение генотипов по гену *LEP* в популяции помесных свиноматок показано на рисунке 10.

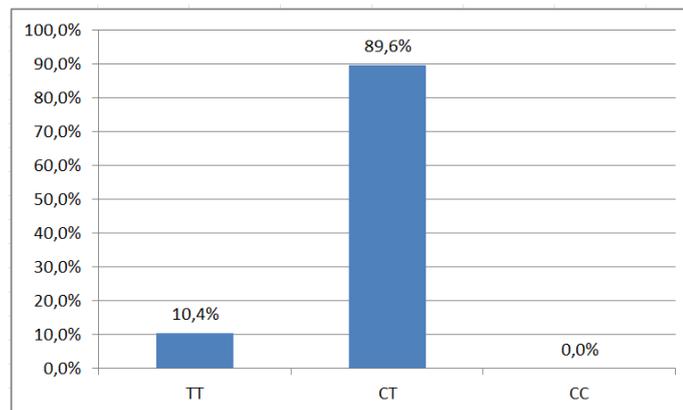


Рисунок 10 – Встречаемость генотипов гена *LEP* у свиноматок

Анализ встречаемости разных аллелей и генотипов гена *LEP* по *HinfI*-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*.

2.2.7.5 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 10).

Таблица 10 – 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>	115	n	%	n	%	n	%	0,31	0,69	16,5***
Н		21	18,3	30	26,1	64	55,6			
О		11	9,6	49	42,6	55	47,8			

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

Более наглядно соотношение генотипов по гену *H-FABP* в популяции помесных свиноматок показано на рисунке 11.

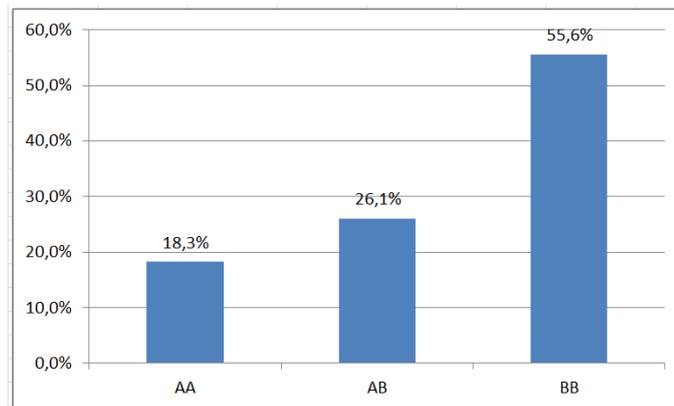


Рисунок 11 – Встречаемость генотипов гена *H-FABP* у свиноматок

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*.

2.2.7.6 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 11).

Таблица 11 – 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>	115	n	%	n	%	n	%	0,30	0,70	2,23
Н		7	6,1	56	48,7	52	45,2			
О		10	8,7	48	41,7	57	49,6			

Н – наблюдаемая встречаемость генотипов, О – ожидаемая встречаемость генотипов

Более наглядно соотношение генотипов по гену *MC4R* в популяции помесных свиноматок показано на рисунке 12.

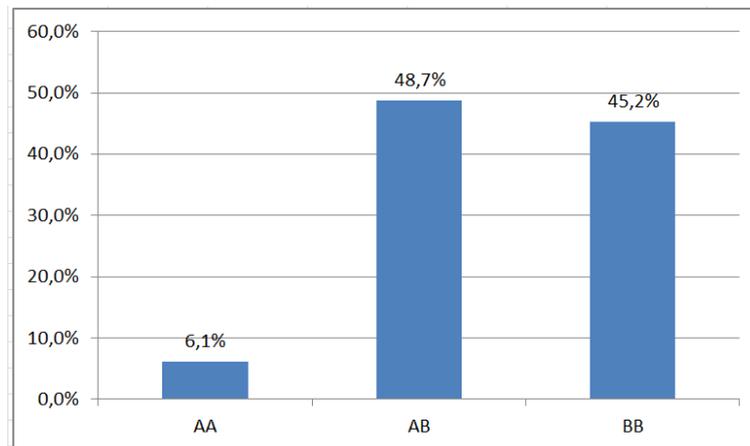


Рисунок 12 – Встречаемость генотипов гена *MC4R* у свиноматок

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.

2.2.8 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* (таблица 12).

Таблица 12 – Встречаемость комбинаций генотипов *PRLR* и *ESR* у свиней

Комбинации генотипов генов <i>PRLR</i> и <i>ESR</i>	Количество	Соотношение
	n = 115	100%
<i>PRLR/ESR AAWW</i>	30	26,09
<i>PRLR/ESR AAWM</i>	27	23,48
<i>PRLR/ESR AAMM</i>	4	3,48
<i>PRLR/ESR ABWW</i>	36	31,30
<i>PRLR/ESR ABWM</i>	3	2,61
<i>PRLR/ESR ABMM</i>	0	0
<i>PRLR/ESR BBWW</i>	13	11,30
<i>PRLR/ESR BBWM</i>	2	1,74
<i>PRLR/ESR BBMM</i>	0	0

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.

Более наглядно соотношение комбинаций генотипов по генам *PRLR* и *ESR* в популяции помесных свиноматок показано на рисунке 13.

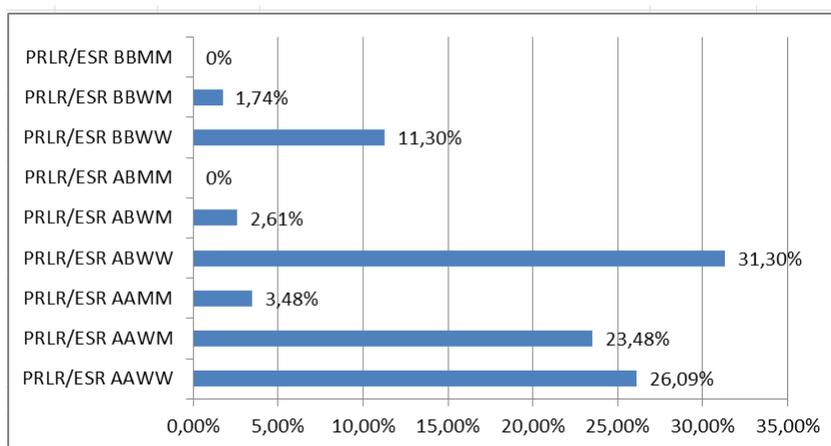


Рисунок 13 – Встречаемость комбинаций генотипов *PRLR / ESR* у свиноматок

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*.

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

Актуально изучать частоту встречаемости комбинаций генотипов генов, связанных с мясной продуктивностью и качеством мяса у свиней, так как эти гены оказывают своё влияние на продуктивные показатели животных не только в отдельности, но и в комплексе [12].

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 (таблица 13).

Таблица 13 – Встречаемость комбинаций генотипов *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R* у свиней

Комбинации генотипов генов <i>RYR1</i> , <i>LEP</i> , <i>H-FABP</i> , <i>MC4R</i>		Количество	Соотношение
		n = 115	100%
1	<i>RYR1/LEP/H-FABP/MC4R NNTTAAAA</i>	4	3,48
2	<i>RYR1/LEP/H-FABP/MC4R NNTTAAAB</i>	1	0,87
3	<i>RYR1/LEP/H-FABP/MC4R NNTTAABB</i>	5	4,34
4	<i>RYR1/LEP/H-FABP/MC4R NNTTABAB</i>	1	0,87
5	<i>RYR1/LEP/H-FABP/MC4R NNTTABBB</i>	1	0,87
6	<i>RYR1/LEP/H-FABP/MC4R NNCTAAAA</i>	1	0,87
7	<i>RYR1/LEP/H-FABP/MC4R NNCTAAAB</i>	3	2,61
8	<i>RYR1/LEP/H-FABP/MC4R NNCTAABB</i>	7	6,09
9	<i>RYR1/LEP/H-FABP/MC4R NNCTABAA</i>	2	1,74
10	<i>RYR1/LEP/H-FABP/MC4R NNCTABAB</i>	21	18,26
11	<i>RYR1/LEP/H-FABP/MC4R NNCTABBB</i>	5	4,34
12	<i>RYR1/LEP/H-FABP/MC4R NNCTBBAB</i>	30	26,09
13	<i>RYR1/LEP/H-FABP/MC4R NNCTBBBB</i>	34	29,57

Более наглядно соотношение комбинаций генотипов по генам *RYR1*, *LEP*, *H-FABP* и *MC4R* в популяции помесных свиноматок показано на рисунке 14.

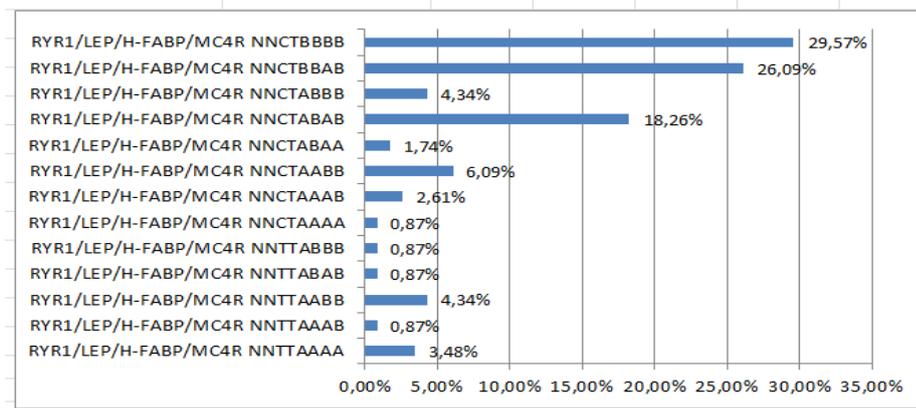


Рисунок 14 – Встречаемость комбинаций генотипов *RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R* у свиноматок

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 вообще составляет 73,92% от поголовья изучаемой популяции.

2.2.10 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* (таблица 14).

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%), *ABWWNNNTAAAA* – 4 (3,48%), *AAWWNNCTABBB*, *AAWWNNCTBBAB*,

ААММННСТБВВВ по 3 (2,61%), АВВВННТТААВВ, АВВВННСТАААВ, АВВВННСТААВВ, ВВВВННТТААВВ, ВВВВННСТБВВВ по 2 (1,74%), ААВВННСТАВВВ, ААВВМННТТААВВ, ААВВМННСТАААВ, ААММННСТАВВВ, АВВВННТТАААВ, АВВВННСТАВВВ, АВВМННСТАВВВ, АВВМННСТВВВВ, АВВМННСТБВВВ, ВВВВННТТАВВВ, ВВВВННСТАААА, ВВВВННСТАВВВ, ВВВВННСТВВВВ, ВВВМННТТАВВВ, ВВВМННСТВВВВ по 1 (0,87%) животным соответственно.

Таблица 14 – Встречаемость комбинаций генотипов *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R* у свиней

Комбинации генотипов генов <i>PRLR</i> , <i>ESR</i> , <i>RYR1</i> , <i>LEP</i> , <i>H-FABP</i> , <i>MC4R</i>		Количество n = 115	Соотношение 100%
1	<i>PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R</i> ААВВННСТАВВВ	1	0,87
2	<i>PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R</i> ААВВННСТАВВВ	6	5,22
3	<i>PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R</i> ААВВННСТАВВВ	3	2,61
4	<i>PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R</i> ААВВННСТВВВВ	3	2,61
5	<i>PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R</i> ААВВННСТБВВВ	17	14,78
6	<i>PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R</i> ААВМННТТААВВ	1	0,87
7	<i>PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R</i> ААВМННСТАААВ	1	0,87
8	<i>PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R</i> ААВМННСТАВВВ	8	6,96
9	<i>PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R</i> ААВМННСТВВВВ	11	9,56
10	<i>PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R</i> ААВМННСТБВВВ	6	5,22
11	<i>PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R</i> ААММННСТАВВВ	1	0,87
12	<i>PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R</i> ААММННСТБВВВ	3	2,61
13	<i>PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R</i> АВВВННТТАААА	4	3,48
14	<i>PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R</i> АВВВННТТАААВ	1	0,87
15	<i>PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R</i> АВВВННТТААВВ	2	1,74
16	<i>PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R</i> АВВВННСТАААВ	2	1,74
17	<i>PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R</i> АВВВННСТААВВ	2	1,74
18	<i>PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R</i> АВВВННСТАВВВ	1	0,87
19	<i>PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R</i> АВВВННСТАВВВ	6	5,22
20	<i>PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R</i> АВВВННСТВВВВ	13	11,30
21	<i>PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R</i> АВВВННСТБВВВ	5	4,34
22	<i>PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R</i> АВВМННСТАВВВ	1	0,87
23	<i>PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R</i> АВВМННСТВВВВ	1	0,87
24	<i>PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R</i> АВВМННСТБВВВ	1	0,87
25	<i>PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R</i> ВВВВННТТААВВ	2	1,74
26	<i>PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R</i> ВВВВННТТАВВВ	1	0,87
27	<i>PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R</i> ВВВВННСТАААА	1	0,87
28	<i>PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R</i> ВВВВННСТААВВ	5	4,34
29	<i>PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R</i> ВВВВННСТАВВВ	1	0,87
30	<i>PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R</i> ВВВВННСТВВВВ	1	0,87
31	<i>PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R</i> ВВВВННСТБВВВ	2	1,74
32	<i>PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R</i> ВВВМННТТАВВВ	1	0,87
33	<i>PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R</i> ВВВМННСТВВВВ	1	0,87

Более наглядно соотношение комбинаций генотипов по генам *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP* и *MC4R* в популяции помесных свиноматок показано на рисунке 15.

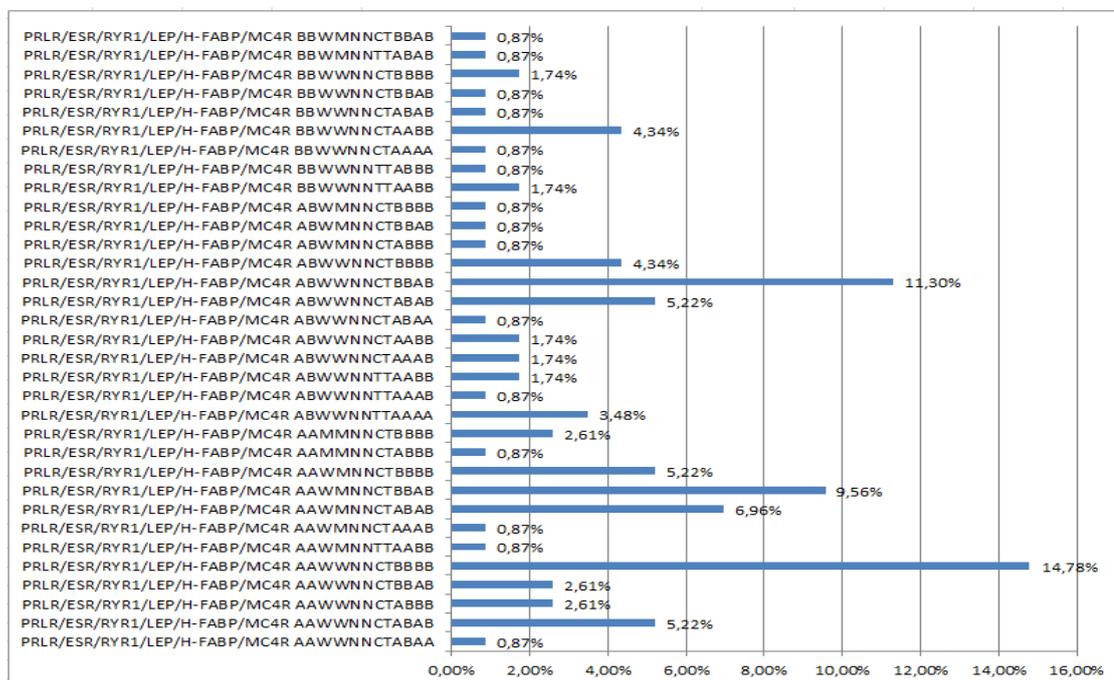


Рисунок 15 – Встречаемость комбинаций генотипов *PRLR* / *ESR* / *RYR1* / *LEP* / *H-FABP* / *MC4R* у свиноматок

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.

2.2.11 Хозяйственно-полезные признаки свиноматок с разными генотипами генов *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R*

2.2.11.1 Хозяйственно-полезные признаки свиноматок с разными генотипами генов *PRLR* и *ESR*, ответственных за репродуктивные качества свиней

2.2.11.1.1 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 свиней 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 [18] (таблица 15).

Таблица 15 – Сравнительная характеристика помесных свиноматок с разными генотипами *PRLR*

Показатель	Генотип <i>PRLR</i>		
	<i>AA</i> n = 61	<i>AB</i> n = 39	<i>BB</i> n = 15
Толщина шпика над 6-7 грудными позвонками, при оценке 100 кг живой массы, мм	17,18±0,11	17,26±0,14	16,93±0,23
Длина тела, см	115,1±0,17	114,8±0,17	115,2±0,45
Многоплодие, гол.	12,63±0,17***	10,89±0,32***	8,96±0,39
Крупноплодность, кг	1,03±0,01	1,09±0,02*	1,12±0,04*
Количество поросят при отъёме, гол.	10,75±0,06***	9,29±0,20***	7,91±0,29
Средняя масса поросёнка при отъёме, кг	7,00±0,03	7,01±0,06	7,12±0,13
Масса гнезда к моменту отъёма, кг	71,91±0,33***	64,85±1,28**	56,49±2,55
Сохранность гнезда к моменту отъёма в 30 дней, %	85,93±1,14	86,36±1,31	88,72±1,46

* – $P < 0,05$, ** – $P < 0,01$, *** – $P < 0,001$, разница между показателем и наименьшим показателем

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*.

2.2.11.1.2 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 [18] (таблица 16).

Таблица 16 – Сравнительная характеристика помесных свиноматок с разными генотипами *ESR*

Показатель	Генотип <i>ESR</i>		
	<i>WW</i> n = 79	<i>WM</i> n = 32	<i>MM</i> n = 4
Толщина шпика над 6-7 грудным позвонками, при оценке 100 кг живой массы, мм	17,22±0,10	17,09±0,15	17,00±0,41
Длина тела, см	114,9±0,14	115,3±0,25	114,5±0,65
Многоплодие, гол.	11,35±0,26	12,00±0,22	12,20±0,31*
Крупноплодность, кг	1,08±0,01	1,03±0,02	0,96±0,07
Количество поросят при отъёме, гол.	9,46±0,16	10,71±0,10***	11,50±0,20***
Средняя масса поросёнка при отъёме, кг	6,90±0,05**	6,80±0,05*	6,50±0,12
Масса гнезда к моменту отъёма, кг	65,04±0,97	72,70±0,39***	74,65±0,36***
Сохранность гнезда к моменту отъёма в 30 дней, %	84,64±0,94	89,88±1,24**	94,34±1,33***

* – $P<0,05$, ** – $P<0,01$, *** – $P<0,001$, разница между показателем и наименьшим показателем

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*.

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

2.2.11.2.1 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 (таблица 17).

Таблица 17 – Характеристика помесных свиноматок с разными генотипами *RYR1*

Показатель	Генотип <i>NN</i> гена <i>RYR1</i> n = 115
Толщина шпика над 6-7 грудным позвонками, при оценке 100 кг живой массы, мм	17,17±0,08
Длина тела, см	115,0±0,12
Многоплодие, гол.	11,56±0,19
Крупноплодность, кг	1,06±0,01
Количество поросят при отъёме, гол.	9,88±0,13
Средняя масса поросёнка при отъёме, кг	6,86±0,04
Масса гнезда к моменту отъёма, кг	67,50±0,75
Сохранность гнезда к моменту отъёма в 30 дней, %	86,44±0,77

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.

2.2.11.2.2 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 (таблица 18).

Таблица 18 – Сравнительная характеристика помесных свиноматок с разными генотипами *LEP*

Показатель	Генотип <i>LEP</i>	
	<i>TT</i> n = 12	<i>CT</i> n = 103
Толщина шпика над 6-7 грудными позвонками, при оценке 100 кг живой массы, мм	16,58±0,23	17,24±0,08**
Длина тела, см	114,8±0,45	115,0±0,13
Многоплодие, гол.	9,21±0,35	11,83±0,19***
Крупноплодность, кг	1,15±0,03	1,05±0,01**
Количество поросят при отъёме, гол.	8,25±0,34	10,07±0,12***
Средняя масса поросёнка при отъёме, кг	7,19±0,12**	6,82±0,04
Масса гнезда к моменту отъёма, кг	59,25±2,48	68,46±0,73***
Сохранность гнезда к моменту отъёма в 30 дней, %	89,70±1,86	86,06±0,83

** – $P < 0,01$, *** – $P < 0,001$, разница между показателем и наименьшим показателем

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.

2.2.11.2.3 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 $P < 0,05-0,01$ (таблица 19).

Таблица 19 – Сравнительная характеристика помесных свиноматок с разными генотипами *H-FABP*

Показатель	Генотип <i>H-FABP</i>		
	<i>AA</i> n = 21	<i>AB</i> n = 30	<i>BB</i> n = 64
Толщина шпика над 6-7 грудными позвонками, при оценке 100 кг живой массы, мм	16,48±0,11	16,57±0,12	17,69±0,08***
Длина тела, см	114,8±0,19	115,0±0,23	115,1±0,18
Многоплодие, гол.	9,32±0,28	12,38±0,35***	11,91±0,23***
Крупноплодность, кг	1,13±0,03*	1,06±0,02	1,04±0,02
Количество поросят при отъёме, гол.	8,37±0,28	10,14±0,21***	10,26±0,14***
Средняя масса поросёнка при отъёме, кг	7,09±0,09*	6,86±0,06	6,78±0,04
Масса гнезда к моменту отъёма, кг	59,27±2,06	69,26±1,17***	69,38±0,83***
Сохранность гнезда к моменту отъёма в 30 дней, %	89,86±1,52**	82,80±1,60	87,02±0,99*

* – $P < 0,05$, ** – $P < 0,01$, *** – $P < 0,001$, разница между показателем и наименьшим показателем

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*.

2.2.11.2.4 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 [17] (таблица 20).

Таблица 20 – Сравнительная характеристика помесных свиноматок с разными генотипами *MC4R*

Показатель	Генотип <i>MC4R</i>		
	<i>AA</i> n = 7	<i>AB</i> n = 56	<i>BB</i> n = 52
Толщина шпика над 6-7 грудным позвонками, при оценке 100 кг живой массы, мм	16,29±0,18	17,18±0,11***	17,29±0,11***
Длина тела, см	114,1±0,46	115,2±0,18*	114,8±0,17
Многоплодие, гол.	10,73±0,84	11,93±0,25	11,27±0,30
Крупноплодность, кг	1,07±0,05	1,08±0,02	1,04±0,02
Количество поросят при отъёме, гол.	9,00±0,55	10,11±0,14	9,75±0,22
Средняя масса поросёнка при отъёме, кг	7,00±0,16	6,92±0,05*	6,77±0,05
Масса гнезда к моменту отъёма, кг	62,71±3,36	69,75±0,75*	65,73±1,32
Сохранность гнезда к моменту отъёма в 30 дней, %	84,73±3,00	85,82±1,16	87,34±1,10

* – $P < 0,05$, ** – $P < 0,01$, *** – $P < 0,001$, разница между показателем и наименьшим показателем

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*.

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

Изучение комплексных генотипов генов *PRLR* и *ESR* свиней представляет интерес, в связи с тем, что данные гены оказывают влияние на продуктивные качеств животных, и прежде всего на их воспроизводительные качества [38, 60].

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* [16] (таблица 21).

Таблица 21 – Сравнительная характеристика помесных свиноматок с разными комбинациями генотипов генов *PRLR* и *ESR*

Показатель	Комбинации из генотипов генов <i>PRLR/ESR</i>						
	<i>AAWW</i>	<i>AAWM</i>	<i>AAMM</i>	<i>ABWW</i>	<i>ABWM</i>	<i>BBWW</i>	<i>BBWM</i>
Количество свиноматок	30	27	4	36	3	13	2
Толщина шпика над 6-7 грудным позвонками, при оценке 100 кг живой массы, мм	17,27 ±0,16	17,11 ±0,15	17,00 ±0,41	17,25 ±0,14	17,33 ±0,67	16,92 ±0,24	17,00 ±1,00
Длина тела, см	114,9 ±0,21	115,3 ±0,28	114,5 ±0,65	114,8 ±0,18	114,3 ±0,67	114,9 ±0,42	117,0 ±2,00
Многоплодие, гол.	13,17 ±0,24	12,09 ±0,22	12,20 ±0,31	10,84 ±0,34	11,40 ±1,07	8,51 ±0,25	11,90 ±1,20
Крупноплодность, кг	1,04 ±0,02	1,02 ±0,02	0,96 ±0,07	1,09 ±0,02	1,08 ±0,07	1,11 ±0,04	1,17 ±0,08
Количество поросят при отъёме, гол.	10,57 ±0,08	10,83 ±0,09	11,50 ±0,20	9,21 ±0,21	10,20 ±0,38	7,63 ±0,25	9,75 ±0,45
Средняя масса поросёнка при отъёме, кг	6,68 ±0,04	6,75 ±0,04	6,50 ±0,12	7,00 ±0,07	7,07 ±0,24	7,08 ±0,14	7,37 ±0,25
Масса гнезда к моменту отъёма, кг	70,61 ±0,47	72,94 ±0,35	74,65 ±0,36	64,25 ±1,32	72,07 ±2,87	54,14 ±2,30	71,78 ±0,85
Сохранность гнезда к моменту отъёма в 30 дней, %	81,05 ±1,54	90,10 ±1,29	94,34 ±1,33	86,03 ±1,37	90,38 ±4,84	89,69 ±1,42	82,39 ±4,53

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*.

2.2.13 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 NNTTABAB* и *NNTTABBB* (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 *NNTTAAAB*, *NNTTAABB*, *NNCTAABB*, *NNCTABAB*, *NNCTABBB*, *NNCTBBAB*, *NNCTBBBB*. Наибольшую длину тела имела свиноматка с комбинацией генотипов *RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R NNTTABAB* (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 *NNTTAAAA*, *NNTTAABB*, *NNCTAAAB*, *NNCTAABB*, *NNCTABAB*, *NNCTABBB*, *NNCTBBAB*, *NNCTBBBB*. По многоплодию выгодно отличались особи с комбинацией генотипов *RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R NNCTABAA* (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 *NNTTAAAA*, *NNTTAABB*, *NNCTAABB*. При рождении более крупные были поросята от матерей с комбинацией генотипов *RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R NNTTABAB* (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 *NNTTAABB*, *NNCTAABB*, *NNCTABAB*, *NNCTABBB*, *NNCTVBAB*, *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*, *NNCTVBAB*, *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 > NNCTVBAB > NNTTAAAA > NNTTABBB > NNCTABAB > NNCTABBB > NNCTABAA*, причём комбинация генотипов *NNTTAAAB* достоверно ($P < 0,05$ и $0,001$) превосходила пять комбинаций генотипов *NNCTAABB*, *NNCTABAB*, *NNCTABBB*, *NNCTVBAB*, *NNCTBBBB* (таблица 22).

Таблица 22 – Сравнительная характеристика помесных свиноматок с разными комбинациями генотипов генов *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R*

Показатели	Комбинации генотипов генов <i>RYR1/LEP/H-FABP/MC4R</i>													
	<i>NNTAAMA</i>	<i>NNTAAB</i>	<i>NNTABB</i>	<i>NNTABAB</i>	<i>NNTABBA</i>	<i>NNTABBB</i>	<i>NNTAAMA</i>	<i>NNTAAB</i>	<i>NNTABB</i>	<i>NNTABAB</i>	<i>NNTABBA</i>	<i>NNTABBB</i>	<i>NNTABBA</i>	<i>NNTABBB</i>
Количество животных	4	1	5	1	1	1	1	3	7	2	21	5	30	34
Толщина шпика над 6-7 грудными позвонками, при оценке 100 кг живой массы, мм	16,25 ±0,25	17,00 ±0	16,20 ±0,20	18,00 ±0	18,00 ±0	18,00 ±0	17,00 ±0	17,00 ±0	16,43 ±0,20	16,00 ±0	16,48 ±0,13	16,60 ±0,25	17,67 ±0,12	17,71 ±0,10
Длина тела, см	114,3 ±0,48	115,0 ±0	114,6 ±0,25	119,0 ±0	113 ±0	116,0 ±0	114,7 ±0,88	115,0 ±0,31	115,0 ±0,31	113,0 ±0	115,1 ±0,20	114,6 ±0,25	115,2 ±0,27	114,9 ±0,24
Многоплодие, гол.	9,4 ±0,58	9,7 ±0	8,82 ±0,64	10,70 ±0	8,40 ±0	10,4 ±0	9,93 ±0,54	9,16 ±0,59	9,16 ±0,59	13,55 ±1,15	12,39 ±0,43	13,02 ±0,46	11,92 ±0,31	11,89 ±0,33
Крупноплодность, кг	1,11 ±0,08	1,23 ±0	1,14 ±0,03	1,25 ±0	1,18 ±0	1,16 ±0	1,20 ±0,06	1,08 ±0,06	1,08 ±0,06	0,96 ±0,05	1,07 ±0,03	0,99 ±0,06	1,06 ±0,02	1,02 ±0,02
Количество поросят при отъёме, гол.	8,08 ±0,48	9,3 ±0	8,20 ±0,67	9,30 ±0	7,10 ±0	9,1 ±0	9,50 ±0,57	7,93 ±0,52	7,93 ±0,52	10,8 ±0,10	10,20 ±0,23	10,74 ±0,36	10,23 ±0,19	10,28 ±0,21
Средняя масса поросёнка при отъёме, кг	7,14 ±0,26	7,4 ±0	7,07 ±0,21	7,60 ±0	7,40 ±0	7,10 ±0	7,26 ±0,32	6,94 ±0,14	6,94 ±0,14	6,66 ±0,04	6,87 ±0,07	6,64 ±0,12	6,89 ±0,07	6,69 ±0,06
Масса гнезда к моменту отъёма, кг	57,63 ±4,05	68,98 ±0	57,66 ±3,93	70,93 ±0	52,30 ±0	64,65 ±0	68,64 ±2,71	55,20 ±4,12	55,20 ±4,12	71,91 ±0,47	69,29 ±1,39	71,12 ±1,45	70,16 ±0,99	68,69 ±1,29
Сохранность гнезда к моменту отъёма в 30 дней, %	86,26 ±4,37	95,88 ±0	92,82 ±1,75	86,92 ±0	84,52 ±0	87,50 ±0	95,57 ±0,60	86,84 ±2,99	86,84 ±2,99	80,28 ±6,81	82,77 ±2,14	82,74 ±3,03	86,60 ±1,37	87,39 ±1,44

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).

2.2.14 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*, *AAMMNNCTBBBB*, *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*, *ABWWNNNTAAAA*, *ABWWNNNTAABB*, *ABWWNNCTABAB*, *ABWWNNCTBBAB*, *ABWWNNCTBBBB*, *BBWWNNNTAABB*, *BBWWNNCTAABB*. При рождении более крупные были поросята от матерей с комбинацией генотипов *PRLR / ESR / RYR1 / LEP / H-FABP / MC4R BBWMNNNTABAB* (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*, *ABWWNNNTAAAA*, *ABWWNNNTAABB*, *ABWWNNCTAABB*, *ABWWNNCTABAB*, *ABWWNNCTBBAB*, *ABWWNNCTBBBB*, *BBWWNNNTAABB*, *BBWWNNCTAABB*) комбинациями генотипов по количеству поросят при отъёме и над десятью (*AAWWNNCTABAB*, *AAWWNNCTBBBB*, *AAWMNNCTABAB*, *AAWMNNCTBBAB*, *AAWMNNCTBBBB*, *ABWWNNNTAAAA*, *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 > *BBWWNNTTAAAB* > *AAWMNNCTABAB* > *AAMMNNCTABBB*
 > *ABWWNNCTBBBB* > *BBWWNNCTBBAB* > *ABWWNNTTAAAB* > *AAWMNNCTBBBB*
 > *BBWWNNCTAAAB* > *AAWMNNCTBBAB* > *BBWWNNCTAAAA* > *AAWWNNCTABAA*
 > *BBWMNNTTABAB* > *ABWWNNCTBBAB* > *ABWWNNTTAAAA* > *BBWWNNTTABBB*
 > *ABWWNNCTAABB* > *AAWWNNCTBBBB* > *BBWWNNCTABAB* >
AAWWNNCTBBAB > *ABWMNNCTABBB* > *AAWWNNCTABBB* > *ABWWNNCTABAB* >
BBWMNNCTBBAB > *AAWWNNCTABAB* > *ABWWNNCTABAA*, причём комбинация
 генотипов *AAWMNNTTAAAB* достоверно ($P < 0,05-0,001$) превосходила двенадцать
 комбинаций генотипов *AAWWNNCTABAB*, *AAWWNNCTABBB*,
AAWWNNCTBBAB, *AAWWNNCTBBBB*, *AAWMNNCTABAB*, *AAWMNNCTBBAB*,
AAWMNNCTBBBB, *ABWWNNTTAAAB*, *ABWWNNCTABAB*, *ABWWNNCTBBAB*,
ABWWNNCTBBBB, *BBWWNNCTAAAB* (таблица 23).

Таблица 23 – Сравнительная характеристика помесных свиноматок с разными комбинациями генотипов генов *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R*

Показатели	Комбинации генотипов генов <i>PRLR</i> / <i>ESR</i> / <i>RYR1</i> / <i>LEP</i> / <i>H-FABP</i> / <i>MC4R</i>																	
	<i>AAWWNNSTAA</i>	<i>AAWWNNSTAB</i>																
Количество животных	1	6	3	3	17	1	1	1	8	11	6	1	3	4	1	2	2	2
Толщина шпика над 6-7 грудными позвонками, при оценке 100 кг живой массы, мм	16,00 ±0	16,17 ±0,17	17,00 ±0	17,33 ±0,67	17,77 ±0,14	16,00 ±0	17,00 ±0	16,50 ±0,19	16,50 ±0,21	17,55 ±0,33	17,33 ±0,33	16,00 ±0	17,33 ±0,33	16,25 ±0,25	17,00 ±0	16,00 ±0	17,00 ±0	17,00 ±0
Длина тела, см	113,0 ±0	115,5 ±0,22	114,7 ±0,33	116,3 ±1,45	114,6 ±0,21	115,0 ±0	115,0 ±0	115,0 ±0,33	115,5 ±0,53	115,5 ±0,53	115,5 ±0,76	114,0 ±0	114,7 ±0,88	114,3 ±0,48	115,0 ±0	115,0 ±0	114,5 ±1,50	114,5 ±0,50
Многоплодие, гол.	12,40 ±0	14,10 ±0,65	12,83 ±0,81	12,97 ±0,43	12,98 ±0,31	10,70 ±0	10,70 ±0	11,71 ±0,38	12,63 ±0,31	12,63 ±0,31	12,07 ±0,47	13,10 ±0	11,90 ±0,10	9,40 ±0,58	9,70 ±0	9,30 ±0,10	9,55 ±0,65	11,10 ±0,40
Крупноплодность, кг	1,00 ±0	1,05 ±0,03	1,06 ±0,05	1,04 ±0,04	1,03 ±0,03	1,07 ±0	1,14 ±0	1,04 ±0,05	1,01 ±0,03	1,01 ±0,03	1,00 ±0,03	0,82 ±0	1,00 ±0,08	1,11 ±0,08	1,23 ±0	1,12 ±0,04	1,23 ±0,08	1,04 ±0,07
Количество поросят при отъёме, гол.	10,80 ±0	10,42 ±0,17	10,27 ±0,23	10,53 ±0,15	10,68 ±0,12	10,50 ±0	10,30 ±0	10,68 ±0,19	11,05 ±0,11	11,05 ±0,11	10,77 ±0,19	12,00 ±0	11,33 ±0,15	8,08 ±0,48	9,30 ±0	8,40 ±0,10	9,10 ±0,70	9,20 ±0,08
Средняя масса поросят при отъёме, кг.	6,60 ±0	6,67 ±0,08	6,75 ±0,03	6,78 ±0,09	6,66 ±0,07	6,70 ±0	6,60 ±0	6,90 ±0,10	6,65 ±0,05	6,65 ±0,05	6,75 ±0,07	6,20 ±0	6,61 ±0,06	7,14 ±0,26	7,40 ±0	6,98 ±0,48	7,58 ±0,07	6,88 ±0,27
Масса гнезда к моменту отъёма, кг.	71,45 ±0	69,42 ±1,01	69,32 ±1,72	71,39 ±1,59	71,07 ±0,63	70,60 ±0	68,13 ±0	73,49 ±0,44	73,37 ±0,38	73,37 ±0,38	72,61 ±0,95	74,08 ±0	74,85 ±0,43	57,63 ±4,05	68,98 ±0	58,60 ±3,33	68,90 ±4,68	63,47 ±7,98
Сохранность гнезда к моменту отъёма в 30 дней, %	87,10 ±0	74,57 ±3,18	80,45 ±3,78	81,34 ±1,64	83,04 ±2,19	98,13 ±0	96,26 ±0	91,61 ±2,45	87,91 ±1,97	87,91 ±1,97	89,72 ±2,75	91,60 ±0,80	95,25 ±1,38	86,26 ±4,37	95,88 ±0	90,32 ±0,10	95,23 ±0,85	83,25 ±10,21

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*, *BBWWNNCTBBBB*, *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).

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

Повышение эффективности животноводства – одна из важнейших экономических проблем, от решения которой зависит уровень развития АПК, а значит, и рост уровня жизни населения страны, её продовольственная безопасность. Разумеется, решать эту проблему невозможно без значительных инвестиций и освоения инновационных технологий. В первую очередь это относится к наиболее скороспелой, наукоёмкой и высокотехнологичной отрасли – свиноводству. Поэтому вряд ли можно добиться высокой рентабельности производства при устаревших технологиях, оборудовании и практически не улучшающихся генетических показателях свиней [9].

Всё выше сказанное говорит о важности исследований – использования современных молекулярно-генетических методов в свиноводстве, а также оценка экономической эффективности их внедрения в эту отрасль [11].

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 (таблица 23).

Таблица 24 – Экономическая эффективность содержания свиноматок с разными комбинациями генотипов *PRLR* / *ESR* / *RYR1* / *LEP* / *H-FABP* / *MC4R*

	Комбинации генотипов генов <i>PRLR</i> , <i>ESR</i> , <i>RYR1</i> , <i>LEP</i> , <i>H-FABP</i> , <i>MC4R</i>	Количество поросят при отъёме	Сумма расчётной живой масса поросят при рождении и массы гнезда к моменту отъёма поросят от 1 свиноматки	Прибавка основной продукции		Стоимость дополнительной продукции в расчёте на 1 свиноматку, руб.
				кг	%	
1	<i>AAWWNNCTABAA</i>	10,80	189,17	64,24	51,42	5781,60
2	<i>AAWWNNCTABAB</i>	10,42	183,00	58,07	46,48	5226,30
3	<i>AAWWNNCTABBB</i>	10,27	181,26	56,33	45,09	5069,70
4	<i>AAWWNNCTBBAB</i>	10,53	186,17	61,24	49,02	5511,60
5	<i>AAWWNNCTBBBB</i>	10,68	187,48	62,55	50,07	5629,50
6	<i>AAWMNNTTAABB</i>	10,50	185,05	60,12	48,12	5410,80
7	<i>AAWMNNCTAAAB</i>	10,30	180,40	55,47	44,40	4992,30
8	<i>AAWMNNCTABAB</i>	10,68	189,90	64,97	52,01	5847,30
9	<i>AAWMNNCTBBAB</i>	11,05	193,82	68,89	55,14	6200,10
10	<i>AAWMNNCTBBBB</i>	10,77	190,00	65,07	52,09	5856,30
11	<i>AAMMNNCTABBB</i>	12,00	204,88	79,95	64,00	7195,50
12	<i>AAMMNNCTBBBB</i>	11,33	198,35	73,42	58,77	6607,80
13	<i>ABWWNNTTAAAA</i>	8,08	145,70	20,77	16,63	1869,30
14	<i>ABWWNNTTAAAB</i>	9,30	170,35	45,42	36,36	4087,80
15	<i>ABWWNNTTAABB</i>	8,40	150,16	25,23	20,20	2270,70
16	<i>ABWWNNCTAAAB</i>	9,10	168,09	43,16	34,55	3884,40
17	<i>ABWWNNCTAABB</i>	9,20	163,75	38,82	31,07	3493,80
18	<i>ABWWNNCTABAA</i>	10,80	190,10	65,17	52,17	5865,30
19	<i>ABWWNNCTABAB</i>	9,47	169,63	44,7	35,78	4023,00
20	<i>ABWWNNCTBBAB</i>	9,59	171,55	46,62	37,32	4195,80
21	<i>ABWWNNCTBBBB</i>	8,70	152,61	27,68	22,16	2491,20
22	<i>ABWMNNCTABBB</i>	10,90	192,38	67,45	53,99	6070,50
23	<i>ABWMNNCTBBAB</i>	10,10	186,21	61,28	49,05	5515,20
24	<i>ABWMNNCTBBBB</i>	9,60	171,17	46,24	37,01	4161,60
25	<i>BBWWNNTTAABB</i>	6,85	124,93	-	-	-
26	<i>BBWWNNTTABBB</i>	7,10	129,69	4,76	3,81	428,40
27	<i>BBWWNNCTAAAA</i>	9,10	163,84	38,91	31,15	3501,90
28	<i>BBWWNNCTAABB</i>	7,42	132,77	7,84	6,28	705,60
29	<i>BBWWNNCTABAB</i>	7,80	137,32	12,39	9,92	1115,10
30	<i>BBWWNNCTBBAB</i>	8,80	159,49	34,56	27,66	3110,40
31	<i>BBWWNNCTBBBB</i>	8,20	145,25	20,32	16,27	1828,80
32	<i>BBWMNNTTABAB</i>	9,30	172,30	47,37	37,92	4263,30
33	<i>BBWMNNCTBBAB</i>	10,20	183,82	58,89	47,14	5300,10

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.

2.4 ОБСУЖДЕНИЕ РЕЗУЛЬТАТОВ ИССЛЕДОВАНИЯ

Для эффективного проведения ПЦР и ПЦР-ПДРФ приёмов генотипирования свиней по генам *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R* нами апробированы существующие приёмы и подобраны оптимальные условия проведения их. Процессу апробации предшествовал этап выбора из множества приёмов и методик определения генотипов генов *PRLR* [92, 119], *ESR* [37, 106, 141, 147], *RYR1* [7, 106, 122, 140], *LEP* [91, 112], *H-FABP* [3, 117], *MC4R* [110, 117]. Далее мы оптимизировали протоколы проведения ПЦР, ПЦР-ПДРФ по генам *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R*, что включало в себя обеспечение определёнными температурными циклами во время амплификации, подбор соответствующей рабочей концентрации dNTP, Taq-полимеразы при амплификации и ферментов рестрикции (*AluI*, *Ama87I*, *HspAI*, *HinfI*, *HaeIII*, *TaqI*) при эндонуклеазном расщеплении. Оптимальные условия для проведения амплификации были подобраны под российский прибор – программируемый термоциклер «Терцик», производства ООО «ДНК-технология». Постановкой ПДРФ-анализа специфического продукта амплификации генов свиней *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R* и последующим учёте результатов реакций, а именно образовавшихся ПДРФ-профилей *PRLR/AluI*, *ESR/Ama87I*, *RYR1/HspAI*, *LEP/HinfI*, *H-FABP/HaeIII*, *MC4R/TaqI* при проведении горизонтального электрофореза, показано о возможности использования известных протоколов [106, 112, 117, 119, 122] для эффективного генотипирования свиней по генам *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R*.

Изучение аллельного полиморфизма генов *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R* у свиней занимались учёные России и исследователи стран СНГ и дальнего зарубежья.

Исследования по определению встречаемости аллелей гена *PRLR*, проведённые в популяциях свиней показали, что встречаемость аллелей *A* и *B* среди особей пород дюрок немецкой селекции, линии Дубка (*A* – 0,170-0,830, *B* – 0,170-0,830) [73, 92, 102], 20 разных линий (*A* – 0,2772, *B* – 0,7228) [126],

белорусской мясной ($A - 0,520, B - 0,480$) [25], белорусской чёрно-пёстрой ($A - 0,650, B - 0,350$) [52], крупной белой отечественной, белорусской, украинской, польской, венгерской, канадской, голландской, французской, ирландской селекции и линии ($A - 0,230-0,654, B - 0,346-0,770$) [6, 8, 35, 52, 76, 80, 102], ландрас отечественной, белорусской, немецкой селекции ($A - 0,313-0,660, B - 0,340-0,688$) [35, 40, 52, 76, 80, 92], йоркшир канадской, финской, австрийской селекции ($A - 0,421, B - 0,579$) [6], уэльской новых линий, семейств и английской селекции ($A - 0,125-0,333, B - 0,667-0,875$) [76], пьетрен ($A - 0,659, B - 0,410$) [102] и помесей – помесей трёх синтетических линии ($A - 0,490, B - 0,510$) [92], белая мангалица \times дюрок ($A - 0,520, B - 0,480$) [153], йоркшир \times ландрас ($A - 0,517, B - 0,483$) [67] составила соответственно. При этом в наших исследованиях у помесных свиней (йоркшир \times ландрас) частота встречаемости аллеля A (0,700) гена *PRLR* несколько выше, а аллеля B (0,300) несколько ниже, чем в литературных данных по породам ландрас, йоркшир и их помесей ($A - 0,313-0,660, B - 0,340-0,688$).

Исследования по определению встречаемости аллелей гена *ESR*, проведённые в популяциях свиней показали, что встречаемость аллелей A и B среди особей пород крупной белой отечественной, белорусской, украинской, китайской, итальянской, словацкой польской, американской, английской селекции ($A - 0,250-0,740, B - 0,260-0,750$) [8, 26, 32, 48, 69, 71, 76, 80, 118, 131, 142, 147], скороспелой мясной степного типа ($A - 0,650-0,800, B - 0,200-0,350$) [62, 65], белорусской мясной ($A - 0,650-0,820, B - 0,180-0,350$) [25, 32], белорусской чёрно-пёстрой ($A - 0,750-0,870, B - 0,130-0,250$) [32], ландрас белорусской, украинской, китайской, словацкой, итальянской, немецкой, бельгийской селекции ($A - 0,500-1,0, B - 0-0,500$) [32, 76, 80, 92, 118, 131, 142], дюрок отечественной, белорусской, немецкой, итальянской селекции ($A - 0,640-1,0, B - 0-0,360$) [32, 62, 65, 92, 142], пьетрен ($A - 1,0, B - 0$) [142], йоркшир белорусской, мексиканской селекции ($A - 0,513-0,762, B - 0,238-0,487$) [45, 32, 116], белой мясной породы ($A - 0,750, B - 0,250$) [131], уэльской украинской, английской селекции ($A - 0,600-1,0, B - 0-0,400$) [35, 76], мейшан китайской,

итальянской селекции ($A - 0,220-0,409$, $B - 0,591-0,780$) [118, 142], сицилийской чёрной ($A - 0,908$, $B - 0,092$) [142], гемпшир ($A - 1,0$, $B - 0$) [142], креольской мексиканской ($A - 0,740-0,840$, $B - 0,160-0,260$) [116] и помесей – трёхпородный кросс «Артезианский» крупная белая \times скороспелая мясная 1 \times ландрас ($A - 0,670-0,730$, $B - 0,270-0,330$) [64], белорусская мясная \times ландрас ($A - 0,880$, $B - 0,220$) [32], йоркшир \times ландрас ($A - 0,442-0,513$, $B - 0,487-0,558$) [67], крупная белая \times ландрас ($A - 0,556$, $B - 0,444$), ландрас \times крупная белая ($A - 0,625$, $B - 0,375$), крупная белая \times мейшан ($A - 0,615$, $B - 0,385$), мейшан \times крупная белая ($A - 0,250$, $B - 0,750$) [118] и синтетическая линия с кровностью 1/4 по крупной белой породе и 3/4 по породе дюрок ($A - 0,830$, $B - 0,170$) [147] составила соответственно. При этом в наших исследованиях у помесных свиней (йоркшир \times ландрас) частота встречаемости аллеля W (0,830), совпадающий структурно с аллелем A гена ESR , была на верхней границе, а аллеля M (0,170), совпадающий структурно с аллелем B , соответствовала нижней границе, чем в литературных данных по породам ландрас, йоркшир и их помесей ($A - 0,442-1,0$, $B - 0-0,558$).

Исследования по определению встречаемости аллелей гена $RYR1$, проведённые в популяциях свиней показали, что встречаемость аллелей N и n среди особей пород крупной белой отечественной, белорусской, украинской, словацкой, итальянской, ирландской, французской, канадской селекции ($N - 0,900-1,0$ и $n - 0-0,100$) [15, 27, 44, 54, 69, 76, 77, 142, 131], кемеровской мясной ($N - 0,9943$ и $n - 0,0057$) [22], скороспелой мясной сибирского типа ($N - 0,954$ и $n - 0,046$) [22], ландрас белорусской, украинской, словацкой, итальянской, немецкой, бельгийской, канадской селекции, новых линий и семейств ($N - 0,750-0,980$ и $n - 0,020-0,250$) [15, 76, 77, 142, 131], йоркшир российской, белорусской, французской, канадской селекции ($N - 0,887-1,0$ и $n - 0-0,113$) [24, 45, 77], дюрок французской, итальянской, канадской селекции ($N - 0,857-1,0$ и $n - 0-0,143$) [77, 142], пьетрен ($N - 0,970$ и $n - 0,030$) [142], уэльской английской селекции, новых линий и семейств ($N - 0,750-1,0$ и $n - 0-0,2570$) [76], локальной сицилийской чёрной ($N - 0,996$ и $n - 0,004$) [142], белой мясной ($N - 0,840$ и $n - 0,160$) [131], гемпшир ($N - 1,0$ и $n - 0$) [142] и помесей – йоркшир \times ландрас ($N - 0,888-1,0$ и $n -$

0-0,112) и ландрас × йоркшир × дюрок – ($N = 0,885-1,0$ и $n = 0-0,115$) [24, 77], крупная белая × ландрас, ландрас × крупная белая ($N = 1,0$ и $n = 0$) [15, 61] составила соответственно. При этом в наших исследованиях у помесных свиней (йоркшир × ландрас) частота встречаемости аллеля N (1,0) гена *RYRI* была на верхней границе, а аллеля n (0) соответствовала нижней границе, чем в литературных данных по породам ландрас, йоркшир и их помесей ($N = 0,750-1,0$, $n = 0-0,250$).

Исследования по определению встречаемости аллелей гена *LEP*, проведённые в популяциях свиней показали, что встречаемость аллелей T и C среди особей пород ландрас ($T = 0,900-0,940$, $C = 0,060-0,100$) [103, 108, 151], польской синтетической линии 990 ($T = 0,890$, $C = 0,110$) [151], крупная белая венгерской, словацкой, польской и другой селекции ($T = 0,710-0,890$, $C = 0,110-0,290$) [84, 102, 103, 151], дюрок венгерской, чешской и другой селекции ($T = 0,750-0,910$, $C = 0,090-0,350$) [102, 108, 157], пьетрен ($T = 0,800$, $C = 0,200$) [102], йоркшир ($T = 0,850$, $C = 0,150$) [108] и помесей – белая мангалица × дюрок ($T = 0,900$, $C = 0,100$) [153], польская крупная белая × ландрас ($T = 0,900$, $C = 0,100$) [154] составила соответственно. При этом в наших исследованиях у помесных свиней (йоркшир × ландрас) частота встречаемости аллеля T (0,550) гена *LEP* была ниже, а аллеля C (0,450) соответственно выше, чем в литературных данных по породам ландрас, йоркшир и их помесей ($T = 0,850-0,940$, $C = 0,060-0,150$). Причём у большинства исследователей получены результаты того, что среди свиней разных пород наибольшая встречаемость гомозиготного генотипа TT гена *LEP*, а в нашем случае большинство животных имели гетерозиготный генотип CT .

Исследования по определению встречаемости аллелей гена *H-FABP*, проведённые в популяциях свиней показали, что встречаемость аллелей D и d среди особей пород скороспелая мясная ($D = 0,440-0,700$ и $d = 0,300-0,560$) [62], крупная белая чешской, европейской селекции ($D = 0,4600-0,6587$ и $d = 0,3413-0,5400$) [83, 156], ландрас ($D = 0$ и $d = 1,0$) [24], дюрок отечественной, китайской селекции ($D = 0,2255-0,7000$ и $d = 0,3000-0,7745$) [62, 161], баскская чёрно-пёстрая европейской селекции ($D = 0,580$ и $d = 0,42$) [83], белая «Junmu 1» ($D = 0,1475$ и d

– 0,8525), тибетская ($D = 0,7647$ и $d = 0,2353$) [161] составила соответственно. При этом в наших исследованиях у помесных свиней (йоркшир \times ландрас) частота встречаемости аллеля A (0,310), совпадающий структурно с аллелем D гена $H-FABP$, была на нижней границе, а аллеля B (0,690), совпадающий структурно с аллелем d , соответствовала верхней границе, чем в литературных данных по породе ландрас ($D = 0$ и $d = 1,0$).

Исследования по определению встречаемости аллелей гена $MC4R$, проведённые в популяциях свиней показали, что встречаемость аллелей A и G среди особей пород крупная белая отечественной, белорусской, украинской, канадской, бельгийской, польской и французской селекции ($A = 0,270-0,933$ и $G = 0,067-0,730$) [27, 36, 47, 146, 152], ландрас корейской, бельгийской, польской и другой селекции ($A = 0-0,7815$ и $G = 0,2185-1,0$) [36, 81, 104, 146, 152], дюрок корейской и другой селекции ($A = 0-0,870$ и $G = 0,130-1,0$) [36, 88, 104], пьетрен бельгийской и другой селекции ($A = 0,035-0,933$ и $G = 0,067-0,965$) [36, 88, 146], йоркшир американской, корейской селекции ($A = 0,060-0,810$ и $G = 0,190-0,940$) [93, 104], иберийская ($A = 0-0,080$ и $G = 0,920-1,0$) [88, 133], беркшир ($A = 0-0,290$ и $G = 0,710-1,0$), корейская ($A = 0-0,140$ и $G = 0,890-1,0$), Додрам ($A = 0,020-0,530$ и $G = 0,470-0,980$) [104], филиппинская ($A = 0,377$ и $G = 0,623$) [130] и помесей – белая мангалица \times дюрок ($A = 0,280$ и $G = 0,720$) [153], корейская \times ландрас ($A = 0-0,510$ и $G = 0,490-1,0$) [104], дюрок \times шведский ландрас \times пьетрен ($A = 0,300$ и $G = 0,700$), шведский ландрас \times крупная белая \times пьетрен ($A = 0,200$ и $G = 0,800$) [143], крупная белая \times ландрас немецкой линии \times дюрок ($A = 0,475$ и $G = 0,525$) [125], крупная белая \times пьетрен ($A = 0,240$ и $G = 0,760$) [88], ландрас \times йоркшир \times дюрок ($A = 0,550$ и $G = 0,450$) [107] составила соответственно. При этом в наших исследованиях у помесных свиней (йоркшир \times ландрас) частота встречаемости аллеля A (0,300) гена $MC4R$, была на нижней границе, а аллеля B (0,700), совпадающий структурно с аллелем G , соответствовала верхней границе, чем в литературных данных по породам ландрас, йоркшир и их помесей ($A = 0-0,810$ и $G = 0,190-1,0$).

Проведённые исследования полиморфизма гена *PRLR* и ассоциации его генотипов с хозяйственно-ценными признаками свиней показали, что генотипы связаны в основном с репродуктивными качествами [6, 8, 23, 25, 38, 39, 42, 86, 102] животных и в меньшей степени с другими полезными признаками, такими как среднесуточные приросты, толщина шпика и другие [153]. Большинство учёных отмечают, что по воспроизводительной способности выгодно отличаются свиноматки, имеющие генотип $PRLR^{AA}$, они превосходили аналогов с другими генотипами в среднем по количеству рождённых поросят на 1,90-2,30 гол., количеству живых поросят на 1,50-1,70 гол. [6, 23, 25, 38, 39, 42], по массе гнезда при рождении на 0,60-2,50 кг и по массе гнезда при отъёме на 2,00-3,60 кг [6, 23, 39, 42]. Аналогичная тенденция выявлена и в нашем исследовании; свиноматки с генотипом $PRLR^{AA}$ превосходили сверстниц с другими генотипами по многоплодию на 1,74-3,67 гол. и по массе гнезда при отъёме на 7,06-15,42 кг. Однако другие исследователи отмечают превосходство по репродуктивным качествам животных с генотипами $PRLR^{AB}$ [86] и $PRLR^{BB}$ [8]. Отдельные авторы отмечают, что свиньи с генотипами $PRLR^{AA}$ и $PRLR^{AB}$ имеют больше толщину шпика по сравнению $PRLR^{BB}$ [153]. В нашем исследовании получен аналогичный результат.

Проведённые исследования полиморфизма гена *ESR* и ассоциации его генотипов с хозяйственно-ценными признаками свиней показали, что генотипы связаны в основном с репродуктивными качествами [8, 23, 25, 27, 33, 44, 48, 58, 62, 65, 66, 71, 79, 118, 147] животных и в меньшей степени с другими полезными признаками, такими как промеры тела и откормочные качества [24, 69]. Большинство учёных отмечают, что по воспроизводительной способности выгодно отличаются свиноматки, имеющие генотипы ESR^{BB} и ESR^{AB} , они превосходили аналогов с другими генотипами в среднем по количеству рождённых поросят на 0,77-1,05 гол., количеству живых поросят на 0,70-6,30 гол. [8, 23, 25, 44, 48, 62, 65, 71, 79, 147], по массе гнезда при рождении на 10,5 кг и по массе гнезда при отъёме на 2,09-6,1 кг [44, 48, 62, 65, 79]. Аналогичная тенденция выявлена и в нашем исследовании; свиноматки с генотипами ESR^{WM} и ESR^{MM}

(совпадающие структурно с генотипами ESR^{AB} и ESR^{BB}) превосходили сверстниц с другими генотипами по многоплодию на 0,65-0,85 гол. и по массе гнезда при отъёме на 7,66-9,61 кг. Однако другие исследователи отмечают превосходство по репродуктивным качествам животных с генотипом ESR^{WW} (совпадающий структурно с генотипом ESR^{AA}) [27], а также об отсутствие положительного действия разных генотипов гена ESR на эти показатели [72]. Отдельные авторы отмечают, что генотип ESR^{BB} [69] и аллель W [24] (совпадающий структурно с аллелем A) влияют соответственно на промеры тела и откормочные свойства свиней. Нашим исследованием это не подтверждается.

Проведённые исследования полиморфизма гена $RYR1$ и ассоциации его генотипов с хозяйственно-ценными признаками свиней показали, что генотипы связаны в основном с качеством мяса [33, 58, 66, 99, 132] животных и в меньшей степени с другими полезными признаками, такими как промеры тела, репродуктивные качества и другие [25, 69, 70, 85]. Большинство учёных отмечают, что более качественное мясо (более высокая влагоудерживающая способность мышечной ткани, более развитая мускулатура и т.д.) у свиней, имеющих генотипы $RYR1^{NN}$ и $RYR1^{Nn}$ и однозначно наихудшее по качеству свинина из животных с генотипом $RYR1^{nn}$ [33, 58, 66, 99, 132]. Отдельные авторы отмечают, что генотип $RYR1^{NN}$ положительно влияет на экстерьерные особенности [69] и воспроизводительные качества свиней [25, 69, 70, 85] по сравнению со сверстницами с генотипом $RYR1^{Nn}$ и особенно с генотипом $RYR1^{nn}$. Нашим исследованием это подтвердить было невозможно в связи с тем, что у нас все животные – мономорфные, то есть имели только генотип $RYR1^{NN}$.

Проведённые исследования полиморфизма гена LEP и ассоциации его генотипов с хозяйственно-ценными признаками свиней показали, что генотипы связаны в основном с толщиной шпика, среднесуточными приростами, потреблением корма и ростом свиней [91, 108, 112, 114, 120, 124, 137] и в меньшей степени с другими полезными признаками, такими как репродуктивные качества [75, 91, 153]. Большинство учёных отмечают, что по качествам мясной продуктивности выгодно отличаются свиньи, имеющие генотип LEP^{TC} , они

превосходили аналогов с генотипом LEP^{TT} по толщине шпика, среднесуточным приростам, промерам тела [75, 84, 112, 114, 153]. Аналогичная тенденция выявлена и в нашем исследовании; свиноматки с генотипом LEP^{TC} превосходили сверстниц с генотипом LEP^{TT} по толщине шпика на 0,66 мм и по длине тела на всего 0,2 см. Отдельные авторы утверждают, что генотипы гена LEP не оказывают значительного влияния на репродуктивные качества свиней [154]. Однако в нашем исследовании по воспроизводительным показателям (по многоплодию и по массе гнезда при отъёме) достоверно превосходили также животные с генотипом LEP^{TC} .

Проведённые исследования полиморфизма гена $H-FABP$ и ассоциации его генотипов с хозяйственно-ценными признаками свиней показали, что генотипы связаны в основном с содержанием внутримышечного жира в свиных тушах, мраморностью мяса, среднесуточными приростами [33, 43, 58, 62, 66, 87] животных и в меньшей степени с другими полезными признаками, такими как репродуктивные качества [19, 21, 49, 54]. Большинство учёных отмечают, что по репродуктивным качествам выгодно отличаются свиньи, имеющие генотипы $H-FABP^{dd}$ и $H-FABP^{Dd}$ [21, 49, 54] по сравнению с аналогами с генотипом $H-FABP^{DD}$. Аналогичная тенденция выявлена и в нашем исследовании; свиноматки с генотипами $H-FABP^{AB}$ и $H-FABP^{BB}$ (совпадающие структурно с генотипами $H-FABP^{dd}$ и $H-FABP^{Dd}$) превосходили сверстниц с другими генотипами по количеству рождённых поросят и многоплодию. Однако другие исследователи отмечают превосходство по репродуктивным качествам животных с генотипом $H-FABP^{DD}$ (совпадающий структурно с генотипом $H-FABP^{AA}$) [19].

Проведённые исследования полиморфизма гена $MC4R$ и ассоциации его генотипов с хозяйственно-ценными признаками свиней показали, что генотипы связаны в основном с толщиной шпика, среднесуточными приростами, промерами тела животных [36, 47, 51, 87, 100, 109, 121, 125, 133, 134, 153] и в меньшей степени с другими полезными признаками, такими как репродуктивные качества [27]. Большинство учёных отмечают, что по толщине шпика и среднесуточным приростам выгодно отличаются свиньи, имеющие генотипы

$MC4R^{AA}$ и $MC4R^{AG}$ [36, 47, 51, 125, 153] по сравнению с аналогами с генотипом $MC4R^{GG}$. Противоположная тенденция выявлена в нашем исследовании; свиноматки с генотипом $MC4R^{BB}$ (совпадающие структурно с генотипами $MC4R^{GG}$) превосходили сверстниц с другими генотипами, что также встречается и у других учёных [133]. Однако имеются исследования, подтверждающие в отсутствии ассоциации генотипов гена $MC4R$ с толщиной шпика и упитанностью у свиней [134, 135]. Отдельные авторы отмечают, что генотип $MC4R^{BB}$ положительно влияет на репродуктивные качества свиней [27]. Нашим исследованием это не подтверждается.

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 А-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 отъеме 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

шпики), *AB* и *BB* гена *H-FABP*, *AB* и *BB* гена *MC4R* (по толщине шпики 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 шпики), *BBWM* (по длине тела) и *AAWM*, *AAMM* (по репродуктивности – количеству поросят и массе гнезда при отъеме) 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 *NNTTABAB*, *NNTTABBB* и *ABWWNNCTBBBB*, *ABWMNNCTBBAB*, *ABWMNNCTBBBB*, *BBWWNNTTABBB*, *BBWWNNCTBBAB*, *BBWWNNCTBBBB*, *BBWMNNTTABAB* (по толщине шпики), *NNTTABAB* и *BBWMNNTTABAB* (по длине тела), *NNCTABAA* и *AAMMNNCTABBB*, *ABWMNNCTBBAB* (по репродуктивности – количеству поросят и массе гнезда при отъеме) 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 проведенных 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 СОКРАЩЕНИЙ И УСЛОВНЫХ ОБОЗНАЧЕНИЙ

АСТ – аспартатаминотрансфераза.

ДНК – дезоксирибонуклеиновая кислота.

Ген *ESR* – ген эстрогенового рецептора.

Ген *H-FABP* – ген белка, связывающего жирные кислоты.

Ген *LEP* – ген лептина.

Ген *MC4R* – ген меланокортинового рецептора 4.

Ген *PRLR* – ген пролактинового рецептора.

Ген *RBP4* – ген ретинол связывающего белок 4.

Ген *RYR1* – ген рианодинового рецептора

ПДРФ – полиморфизм длины рестрикционных фрагментов (RFLP – Restriction Fragment Length Polymorphism).

ПЦР – полимеразная цепная реакция (PCR – Polymerase Chain Reaction).

ЭДТА – этилендиаминтетрауксовая кислота (EDTA – ethylenediaminetetraacetic acid).

ЭКЕ – энергетическая кормовая единица.

A – adenosine (A – аденозин).

AluI – эндонуклеаза рестрикции, из штамма *E. coli* несущего клонированный ген *AluI* из *Arthrobacter luteus* (сайт узнавания: AG↑CT).

Ama87I – эндонуклеаза рестрикции, из *Alteromonas macleodii* 87 (сайт узнавания: C↑YCGRG).

bp – base pair (п.о. – пары оснований).

C – cytosine (Ц – цитозин).

dNTPs – deoxynucleosidtriphosphates (дНТФ – дезоксинуклеозидтрифосфаты).

G – guanosine (Г – гуанозин).

HaeIII – эндонуклеаза рестрикции, из штамма *E. coli* несущего клонированный ген *HaeIII* из *Haemophilus aegyptius* (сайт узнавания: GG↑CC).

HinfI – эндонуклеаза рестрикции, из штамма *E. coli* несущего клонированный ген *HinfI* из *Haemophilus influenzae* (сайт узнавания: G↑ANTC).

HspAI – эндонуклеаза рестрикции, из штамма *E. coli* несущего клонированный ген *HspAI* из *Haemophilus species A1* (сайт узнавания: G↑CGC).

QTL – Quantitative Trait Loci's (гены или локусы количественных признаков)

T – thymidine (T – тимидин).

TagI – эндонуклеаза рестрикции, из штамма *E. coli* несущего клонированный ген *TagI* из *Thermus aquaticus* (сайт узнавания: T↑CGA).

СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННОЙ ЛИТЕРАТУРЫ

1. Айала, Ф. Ведение в популяционную генетику / Ф. Айала. – М.: Мир. – 1984. – 345 с.
2. Алтухов, Ю.П. Генетические процессы в популяциях / Ю.П. Алтухов. – М.: Наука, 1989. – 328 с.
3. Арсиенко, Р.Ю. Полиморфизм гена белка, связывающего жирные кислоты (H-FABP) и его влияние на хозяйственно-полезные признаки свиней: автореф. дис. ... канд. биол. наук: 03.00.23 / Арсиенко Роман Юрьевич. – Дубровицы: ВИЖ, 2003. - 20 с.
4. Ахметов, Т.М. Использование ДНК-маркёров в диагностике наследственных мутаций у крупного рогатого скота и свиней / Т.М. Ахметов, С.В. Тюлькин, Ф.М. Нургалиев, Р.Р. Вафин // Учёные записки Казанской ГАВМ. – Т. 210. – Казань, 2012.– С. 7-13.
5. Ахметов, Т.М. Оптимизация техники выделения ДНК из крови и спермы / Т.М. Ахметов, С.В. Тюлькин, Ф.М. Нургалиев // Учёные записки Казанской ГАВМ. – Т. 205. – Казань, 2011.– С. 18-23.
6. Банникова, А.Д. Полиморфизм ДНК-маркёров, ассоциированных с воспроизводительными качествами, у свиней пород крупная белая и йоркшир : автореф. дис. ... канд. биол. наук : 03.02.07 / Банникова Алиса Дмитриевна. – Дубровицы, 2012. – 18 с.
7. Брэм, Г. Использование в селекции свиней молекулярной генной диагностики злокачественного гипертермического синдрома (MHS) // Генетика. – 1993. – Т. 29. - № 6. – С. 1009-1013.
8. Бублик, Е.М. Влияние генов MC4R, POU1F1, PRLR, ESR на продуктивные качества свиней / Е.М. Бублик // Молодой учёный. – 2013. - № 6. – С. 238-240.
9. Буяров, А.В. Повышение экономической эффективности отрасли свиноводства на основе инновационных процессов: автореф. дисс. канд. эконом. наук: 08.00.05 / Буяров Александр Викторович. – Орёл. – 2009. – 23 с.

10. Василюк, О.Я. Генетический профиль свиней белорусской крупной белой породы / О.Я. Василюк, Н.А. Лобан, С.М. Квашевич // Зоотехническая наука Беларуси. – 2014. – Т. 49. – № 1. – С. 44-50.

11. Гиниятуллин, И.И. Внедрение в свиноводство молекулярно-генетических методов и их экономическое обоснование / И.И. Гиниятуллин, Л.А. Рахматов, Т.М. Ахметов, [и др.] // Учёные записки КГАВМ. – Т. 222 (2). – Казань, 2015.– С. 55-58.

12. Гиниятуллин, И.И. Встречаемость комплексных генотипов N-FABP/MC4R у свиноматок крупной белой породы / И.И. Гиниятуллин, Л.А. Рахматов, Т.М. Ахметов, [и др.] – матер. междуна. науч. практ. конф. «Фундаментальные и прикладные проблемы повышения продуктивности животных и конкурентоспособности продукции животноводства в современных экономических условиях АПК РФ». – Т. 2. – Ульяновск, 2015. – С. 180-182.

13. Гиниятуллин, И.И. Молекулярная диагностика полиморфизма генов ESR и PRLR, влияющих на репродуктивные качества свиней / И.И. Гиниятуллин, Л.А. Рахматов, Р.Р. Муллахметов, [и др.] // Учёные записки КГАВМ. – Т. 225 (1). – Казань, 2016.– С. 107-109.

14. Гиниятуллин, И.И. Молекулярная диагностика полиморфизма свиней по гену лептина / И.И. Гиниятуллин, Л.А. Рахматов, Т.М. Ахметов, [и др.] // Нива Татарстана. – Казань, 2016. – № 2-3. – С. 32-33.

15. 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. – Т. 218. – Казань, 2014.– С. 60-64.

16. 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, [и др.] // Ученые записки КГАВМ. – Т. 228 (4). – Казань, 2016.– С. 57-60.

17. Гиниятуллин, И.И. Хозяйственно-полезные признаки помесных свиноматок с разными генотипами гена MC4R / И.И. Гиниятуллин, Л.А.

Рахматов, Т.М. Ахметов, [и др.] // Ученые записки КГАВМ. – Т. 228 (4). – Казань, 2016.– С. 60-63.

18. Гиниятуллин, И.И. Хозяйственно-ценные качества свиней с разными генотипами PRLR и ESR / И.И. Гиниятуллин, Л.А. Рахматов, Т.М. Ахметов, [и др.] // Нива Татарстана. – Казань, 2016. – № 2-3. – С. 30-31.

19. Гончаренко, Г.М. Генетическая структура популяций сельскохозяйственных животных западной Сибири и использование маркёров в селекции: автореф. дис. ... докт. биол. наук: 06.02.07 / Гончаренко Галина Моисеевна. – Новосибирск, 2009. – 3 с.

20. Гридюшко, Е.С. Использование современных методов селекции при создании белорусского заводского типа свиней породы йоркшир / Е.С. Гридюшко, Н.А. Лобан // Зоотехническая наука Беларуси: Жодино, 2011. - Т. 46. - Ч. 1. - С. 33-40.

21. Гришина, Н.Б. Использование генетических маркеров в селекции свиней крупной белой породы в Сибири: дис. ... канд. биол. наук: 06.02.01 / Гришина Наталья Борисовна. – Новосибирск, 2008. – 147 с.

22. Гришкова, А.П. Использование ДНК-маркеров в селекции свиней заводского типа КМ-1 / А.П. Гришкова, Д.А. Барков // Международный журнал прикладных и фундаментальных исследований. – 2015. - № 3-2. – С. 241-244.

23. Дойлидов, В.А. ДНК-маркеры репродуктивных качеств свиноматок пород белорусской селекции / В.А. Дойлидов, Д.А. Каспирович, И.А. Ильючик, [и др.] // Учёные записки учреждения образования «Витебская ордена «Знака почёта» ГАВМ. – 2013. – Т. 49. - № 2-1. – С. 286-290.

24. Друшляк, Н.Г. Использование генетических маркеров в свиноводстве / Н.Г. Друшляк // Ученые записки Орловского государственного университета. – 2014. - № 6. – С. 65-67.

25. Епишко, О.А. Полигенный характер детерминации репродуктивных признаков свиней белорусской мясной породы / О.А. Епишко, Т.И. Епишко, Л.А. Калашникова // Доклады РАСХН. – 2009. - № 2. – С. 42-44.

26. Заболотная, А.А. Характеристика хряков разных пород по некоторым ДНК-маркерам / А.А. Заболотная, С.С. Сбродов, Н.А. Зиновьева // Сибирский вестник сельскохозяйственной науки. – 2011. - № 5-6. – С. 65-68.
27. Зиннатова, Ф.Ф. Роль генов-маркеров ESRF18/FUT1, MC4R, ESR, RYR1 в селекции свиней / Ф.Ф. Зиннатова, Ш.К. Шакиров, А.М. Алимов, Ф.Ф. Зиннатов / Вопросы нормативно-правового регулирования в ветеринарии. – 2015. - № 3. – С. 188-191.
28. Зиновьева, Н.А. Диагностика полиморфизма гена H-FABP как генетического маркера мясных качеств свиней / Н.А. Зиновьева, Е.А. Гладырь // Современные достижения и проблемы биотехнологии с.-х. животных: материалы II междунар. науч. конф., 19-20 нояб. 2002 г. -Дубровицы, 2002. – С. 45-50.
29. Зиновьева, Н.А. Молекулярно-генетические методы и их использование в свиноводстве / Н.А. Зиновьева // Достижение науки и техники АПК. – 2008. - № 10. – С. 34-36.
30. Зиновьева, Н.А. Проблемы биотехнологии и селекции сельскохозяйственных животных / Н.А. Зиновьева, Л.К. Эрнст. – 2-е изд., доп. – Дубровицы, 2006. – 342 с.
31. Калашников, А.П. Нормы и рационы кормления сельскохозяйственных животных. Справочное пособие / Под ред. А.П. Калашникова и др. – 3-е изд. перераб. и допол. – М.: 2003. – 456 с.
32. Ковальчук, М.А. Изучение генетической структуры различных пород и популяций свиней по гену эстрогенового рецептора (ESR) / М.А. Ковальчук, А.И. Ганджа, Н.В. Журина, [и др.] // Вестник Брянской ГСА. – 2015. - № 3-1. – С. 56-59.
33. Кононенко, С.И. Использование ДНК-диагностики в селекции свиней / С.И. Кононенко, В.В. Семенов, Л.Н. Чижова, [и др.]. – Сб. науч. тр. Северо-Кавказского НИИ животноводства. – 2012. – Т. 1. - № 1. – С. 138 -142.
34. Кононенко, С.И. Полиморфизм гена H-FABP и его роль в формировании продуктивности свиней разных пород / С.И. Кононенко, А.Р. Каграманов // Труды Кубанского ГАУ. – 2011. – Т. 1. - № 29. – С. 151-154.

35. Костенко, С.А. Особенности полиморфизма генов ESR, NCOA1, PRLR, FSHR у свиней различных пород / С.А. Костенко, М.В. Драгулян, Е.В. Сидоренко // Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва. – 2013. - № 9 (103). – С. 23-29.
36. Костюнина, О.В. Полиморфизм гена рецептора меланокортина MC4R и его влияние на мясные и откормочные качества свиней / О.В. Костюнина, Н.А. Зиновьева, Е.И. Сизарева и др. // Достижение науки и техники АПК. – 2012. - № 8. - С. 49-51.
37. Костюнина, О.В. Характеристика аллелофонда и анализ ассоциации ДНК-маркеров с хозяйственно-полезными признаками свиней: автореф. дис. ... докт. биол. наук: 03.02.07 / Костюнина Ольга Васильевна. – Дубровицы, 2016. – 39 с.
38. Лаломова, Е.В. Полиморфизм свиней по генам эстрогенового, пролактинового и рианодинового рецепторов: автореф. дис. ... канд. биол. наук: 06.02.01 / Лаломова Елена Владимировна. – Лесные Поляны. – 2007. – 23 с.
39. Леонова, М.А. Воспроизводительные качества свиней породы ландрас разных генотипов по генам PRLR и MC4R / М.А. Леонова, А.Е. Святогорова // Политематический сетевой электронный научный журнал Кубанского ГАУ. – 2014. - № 103. – С. 1006-1015.
40. Леонова, М.А. Изучение полиморфизма гена PRLR у свиней породы ландрас / М.А. Леонова, Ю.А. Колосов, А.Ю. Колосов. – сб. науч. тр. ВНИИ овцеводства и козоводства. – 2014. – Т. 3. - № 7. – С. 503-506.
41. Леонова, М.А. Распределение частот аллелей и генотипов гена лейкемия ингибирующего фактора у свиней различных пород / М.А. Леонова, Л.В. Гетманцева, А.Ю. Колосов // Современные проблемы науки и образования. – 2015. - № 2. – [<http://www.science-education.ru/ru/article/view?id=17343>].
42. Леонова, М.А. Роль гена пролактина и его рецептора в формировании признаков продуктивности сельскохозяйственных животных / М.А. Леонова, Л.В. Гетманцева, А.В. Усатов // Генетика и разведение животных. – 2014. - № 4. – С. 37-39.

43. Лисикова, С.А. Идентификация генов продуктивности свиней / С.А. Лисикова, И.М. Чернуха, М.В. Радченко, О.А. Шалимова. – сб. науч. тр. VII конф. молодых учёных и специалистов НИИ Отделения хранения и переработки с.-х. продуктов Россельхозакадемии. ГНУ ВНИМИ Россельхозакадемии, Россельхозакадемия. – М., 2013. – С. 239-243.
44. Лобан, Н.А. Комплексная система селекции свиней белорусской крупной белой породы / Лобан Н.А. // «Вестник НГАУ». – 2011 – Т. 1 (17). – С. 64-70.
45. Лобан, Н.В. Комплексное использование современных методов селекции при создании белорусского заводского типа свиней породы йоркшир / Н.В. Лобан, Е.С. Гридюшко // Учёные записки учреждения образования «Витебская ордена «Знака почёта» ГАВМ. – 2011. – Т. 47. - № 1. – С. 417-420.
46. Люханов, М.П. Однонуклеотидный полиморфизм в популяции крупного рогатого скота красной степной породы / М.П. Люханов, О.С. Короткевич, О.И. Себежко, Н.С.Юдин // Современные проблемы науки и образования. – 2014. - № 1. [<http://www.science-education.ru/ru/article/view?id=12042>].
47. Лядський, І. Зв'язок поліморфізмів генів CTSL та MC4R з продуктивними якостями свиней великої білої породи / І. Лядський // Тваринництво України. – 2014. - № 7 (58). – С. 29-32.
48. Максимов, Г.В. Влияние гена ESR на воспроизводительные качества свиней / Г.В. Максимов, А.В. Радюк. – сб. науч. тр. ВНИИ овцеводства и козоводства. – 2015. – Т. 1. - № 8. – С. 204-207.
49. Максимов, Г.В. Влияние полиморфизма гена H-FABP на продуктивность свиней / Г.В. Максимов, О.Н. Полозюк // Ветеринарная Патология. – 2010. - №4 (35). – С. 62-64.
50. Меркурьева, Е.К. Биометрия в животноводстве / Е.К. Меркурьева. – М.: Колос, 1977. – 311 с.
51. Михайлов, Н.В. Перспективные гены-маркеры продуктивности свиней / Михайлов Н.В., Гетманцева, Л.В., Святогорев Н.А. [и др.] // Вестник Донского ГАУ. – 2013. - № 3 (9). – С. 16-19.

52. Михайлова, М.Е. Выявление полиморфизма гена пролактинового рецептора (PRLR-ALUI), маркера плодовитости свиней с использованием HRM-анализа / М.Е. Михайлова, Е.Л. Романишко // Науковий вісник НУБіП України. – 2014. - № 202. – С. 50-55.
53. Никитин, И.Н. Организация и экономика ветеринарного дела / И.Н. Никитин, В.А. Апалькин. – 5-е изд., прераб. и допол. – М.: КолосС, 2006. – 368 с.
54. Нургалиев, Ф.М. Использование ДНК-технологии для оценки воспроизводительных качеств свиней: дисс. канд. биол. наук: 06.02.07 / Нургалиев Фаннур Мударисович. – Казань. – 2013. – 136 с.
55. Нургалиев, Ф.М. Оптимизация техники ПЦР-ПДРФ для генотипирования свиней по генам PRLR, ESR, H-FABP, MC4R / Ф.М. Нургалиев, Т.М. Ахметов, И.И. Гиниятуллин, [и др.] // Фундаментальные исследования. – Пенза, 2013. – № 6 (4). – С. 918-921.
56. Овсянников, А.И. Основы опытного дела в животноводстве / А.И. Овсянников. – М.: Колос, 1976. – 303 с.
57. Петухов, В.Л. Ветеринария генетика с основами вариационной статистики / В.Л. Петухов, А.И. Жигачев, Г.А. Назаров. – М.: Агропромиздат, 1996. – 243 с.
58. Плужникова, О.В. Полиморфизм генов RYR-1, ESR, H-FABP и его использование в селекции свиней / О.В. Плужникова, Н.Г. Марутянц, Е.И. Сердюков. – сб. науч. тр. ВНИИ овцеводства и козоводства. – 2012. – Т. 3. - № 1-1. – С. 149-152.
59. Полозюк, О.Н. Влияние гена RYR-1 на мясную продуктивность свиней / О.Н. Полозюк // Проблемы современной науки. – 2013. - № 7-2. – С. 132-139.
60. 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. – Т. 218. – Казань, 2014.– С. 223-227.

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

62. Рыбалко, В.П. Полиморфизм генов H-FABP, ESR и их роль в формировании продуктивности свиней мясных пород / В.П. Рыбалко, В.В. Семенов, И.Г. Рачков, [и др.] // Доклады РАСХН. – 2012. - № 5. – С. 44-46.

63. Рыжова, Н.В. Ген RYR1 и продуктивность свиней мясных пород / Н.В. Рыжова, Л.А. Калашникова // Животноводства России. – 2003. - № 9. – С. 46-47.

64. Семенов, В.В. Взаимосвязь гена ESR с воспроизводительными качествами свиней / В.В. Семенов, Л.В. Кононова, В.И. Лозовой. – Сб. науч. тр. ВНИИ овцеводства и козоводства. – 2014. – Т. 3. - № 7. – С. 342-347.

65. Семенов, В.В. Влияние полиморфизма гена ESR на воспроизводительные качества / В.В. Семенов, И.Г. Рачков, О.В. Плужникова, А.Р. Каграманов. – сб. науч. тр. ВНИИ овцеводства и козоводства. – 2011. Т. 1. № 4-1. – С. 20-22.

66. Семенов, В.В. Полиморфизм генов RYR-1, ESR, H-FABP и его использование в селекции свиней / В.В. Семенов, Л.Н. Чиждова, Е.И. Сердюков / Ветеринарная патология. – 2013. - № 1 (43). – С. 71-73.

67. Сердюк, Г.Н. Полиморфизм генов эстрогенового рецептора (ESR) и пролактинового рецептора (PRLR) и влияние генотипов этих генов на многоплодие и молочность свиноматок / Г.Н. Сердюк, И.А. Погорельский, Л.В. Карпова, [и др.] // Генетика и разведение животных. – 2015. - № 2. – С. 32-35.

68. Сидоренко, Е.В. Молекулярно-генетический анализ разных пород свиней по генам рецепторов эстрогена (ESR) и меланокортина-4 (MC4R) / Е.В. Сидоренко, С.А. Костенко, О.Н. Коновал // Повышение интенсивности и

конкурентоспособности отраслей животноводства. – Жодино, 2011. - Ч. 1. – С. 185-189.

69. Смирнов, Н.Н. Взаимосвязь генотипов по генам RYR1 и ESR с естественной резистентностью и продуктивностью свиней : автореф. дис. ... канд. с.-х. наук : 06.02.07 / Смирнов Николай Николаевич. – Персиановский. – 2013. – 28 с.

70. Соколов, Н.В. Влияние мутации в гене рецептора рианодина скелетных мышц на биологические свойства свиней / Н.В. Соколов, Н.В. Ковалюк, А.В. Плотникова, Н.Г. Зелкова // ДНК-технологии в клеточной инженерии и маркировании признаков сельскохозяйственных животных. Международная конференция. – Дубровицы: ВИЖ. - 2001. – С. 118 – 119.

71. Соколов, Н.В. Влияние полиморфизма в гене рецептора эстрогена ESR на продуктивные качества крупной белой породы / Н.В. Соколов, Н.В. Ковалюк, Д.А. Карманов. – сб. науч. тр. Северо-Кавказского НИИ животноводства. – 2012. – Т. 1. - № 1. – С. 36-42.

72. Соколов, Н.В. Изменчивость гена ESR в линии свиней крупной белой породы и его влияние на воспроизводительные качества / Н.В. Соколов, Н.В. Ковалюк, Е.В. Мачульская / Свиноводство. – 2015. - № 7. – С. 5-7.

73. Толоконцев, А.И. Генетическая структура хряков специализированной линии дубка по гену ESR, PRLR, RYR1 / А.И. Толоконцев // Зоотехния. – 2011. - № 4. – С. 12-14.

74. Тюлькин, С.В. Применение ДНК-диагностики для выявления рецессивных мутаций у сельскохозяйственных животных / С.В. Тюлькин, И.И. Гиниятуллин, Т.М. Ахметов и др. – сб. тр. VIII Всерос. науч.-практ. конф. с междун. участием. – Т. 2. – М., 2014 – С. 524-525.

75. Хлопова, Н.С. Мононуклеотидный полиморфизм промоторов генов-кандидатов контроля показателей продуктивности свиней / Н.С. Хлопова, [и др.] // Доклады РАСХН. – 2012. - № 4. – С. 39-45.

76. Церенюк, А.Н. Полиморфизм основных генов QTL у новых заводских единиц в породах ландрас и уэльс / А.Н. Церенюк, В.Н. Балацкий, К.Ф.

Почерняев, А.М. Саенко // Научно-технический бюллетень Института животноводства Национальной академии аграрных наук Украины. – 2011. - № 105. – С. 189-196.

77. Чернуха, И.М. Скрининг аллелофонда стад свиней Орловской и Тульской областей по гену рианодин-рецепторного белка / И.М. Чернуха, О.А. Ковалева, В.И. Крюков, Н.Г. Друшляк, М.В. Радченко // Проблема биологии продуктивных животных. – 2015. - № 4. – С. 29-41.

78. Шаферівський, Б.С. Залежність товщини шпика гібридного молодняку від поліморфізму гена MC-4R / Б.С. Шаферівський // Розведення і генетика тварин. – 2015. - № 50. – С. 173-177.

79. Шейко, И.П. Селекция на повышение многоплодия свиноматок крупной белой породы методом молекулярной генной диагностики / И.П. Шейко, Н.А. Лобан, О.Я. Василюк [и др.] // Весці нацыянальнай акадэміі навук Беларусі. – 2006. – № 3. – С. 77-82.

80. Шеремета, В.И. Молекулярно-генетический анализ хряков пород крупная белая и ландрас по генам рецепторов эстрогена и пролактина / В.И. Шеремета, А.С. Опанасенко // Біологія тварин. – 2013. – Т. 15. - № 1. – С. 151-158.

81. Широкова, Н.В. Оценка влияния гена MC4R на откормочные и мясные качества свиней породы ландрас / Н.В. Широкова, А.В. Радюк, Р.Г. Алиев, [и др.] // Современные проблемы науки и образования. – 2014. - № 5. [<http://www.science-education.ru/ru/article/view?id=14654>].

82. Шмаков, Ю.И. Методические рекомендации по определению экономического эффекта от внедрения результатов научно-исследовательских работ в животноводство. / Ю.И. Шмаков, Л.Л. Комаров, Н.В. Черкаев. – Дубровицы, 1984. – 30 с.

83. Alfonso, L. Characterisation of some fatness candidate genes in basque black pied and large white pigs / L. Alfonso, A. Arana // Archivos de Zootecnia. – 2004. – V. 53. № 204. – P. 411-414.

84. Bauer, M. Association of HinfI Polymorphism in the leptin gene with production traits in white improved pig breed / M. Bauer, A. Babelova, R. Omelka, M. Bauerova // Slovak J. Anim. Sci. – 2006. – V. 39 (3). – P. 119-122.
85. Bogdzinska, M. Effect of the RYR1 gene polymorphism on selected reproductive traits of Polish Large White and Polish Landrace sows / M. Bogdzinska // Anim. Sci. Papers and Reports. - 2004. - № 22. - S. 3. - P. 3-17.
86. Brkić, A. Polimorfizam PRLR-gena u krmaca crne Slavonske pasmine svinja / A. Brkić, S. Menčik, E. Bačani, A. Ekert Kabalin // STOČARSTVO. – 2014. – V. 68 (3). – P. 75-82.
87. Budimir, K. Possibilities of branding the pork in Croatia – review / K. Budimir, I. Djurkin Kusec, B. Lukie, [et al.] // Acta Agraria Kaposvariensis – 2014. – V. 18. – Supp. 1. – P. 115-121.
88. Burgos, C. Allelic incidence in several pig breeds of a missense variant of pig melanocortin-4 receptor (MC4R) gene associated with carcass and productive traits; its relation to IGF2 genotype / C. Burgos, J.A. Carrodeguas, C. Moreno, [et al.] // Meat Science. – 2006. – V. 73. – P. 144-150.
89. Cho, E.S. Association of GHRH, H-FABP and MYOG Polymorphisms with Economic Traits in Pigs / E.S. Cho, D.H. Parka, B-W. Kim // Asian-Aust. J. Anim. Sci. – 2009. – V. 22. № 3. – P. 307-312.
90. Cuong, N. Van Genetic variation of the heart fatty acid-binding protein gene and their associations with meat quality in Native Black Pig of Vietnam / N. Cuong Van, N. Thi Dieu Thuy, N. Thi Thu, [et al.] // Bulgarian J. Agr. Sci. – 2013.– V. 19 (5). – P. 897-902.
91. De Oliveira Peixoto, J. Associations of leptin gene polymorphisms with production traits in pigs / J. De Oliveira Peixoto, S.E. Facioni Guimaraes, P. Savio Lopes, [et al.] // J. Anim. Breed. Genet. 2006. – V. 123. – P. 378-383.
92. Drogemuller, C. Candidate gene markers for litter size in different German pig lines / C. Drogemuller, H. Hamann, O. Distl // J. Anim. Sci. – 2001. – V. 79. – P. 65-70.

93. Fan, B. Identification of genetic markers associated with residual feed intake and meat quality traits in the pig / B. Fan, S. Lkhagvadorj, W. Cai, [et al.] // *Meat Science*. – 2010. – V. 84. – P. 645-650.
94. Fontanesi, L. A retrospective analysis of allele frequency changes of major genes during 20 years of selection in the Italian large white pig breed / L. Fontanesi, G. Schiavo, E. Scotti, [et al.] // *J. Anim. Breeding and Genetics*. – 2015. [https://www.researchgate.net/publication/273005509_A_retrospective_analysis_of_all_ele_frequency_changes_of_major_genes_during_20_years_of_selection_in_the_Italian_Large_White_pig_breed].
95. Fontanesi, L. Association between melanocortin 4 receptor (MC4R) gene haplotypes and carcass and production traits in Italian large white pigs evaluated with a selective genotyping approach / L. Fontanesi, L. Buttazzoni, G. Galimberti, [et al.] // *Liv. Sci*. – 2013. – V. 157. – P. 48-56.
96. Garcia-Galiano, D. Role of the adipocyte-derived hormone leptin in reproductive control / D. Garcia-Galiano, S.J. Allen, C.F. Elias // *Horm. Mol. Biol. Clin. Investig.* – 2014. – V. 19. – P. 141-149.
97. Gerbens, F. Effect of genetic variants of the heart fatty acid-binding protein gene on intramuscular fat and performance traits in pigs / F. Gerbens, A.J. van Erp, F.L. Harders [et al.] // *J. Anim. Sci.* – 1999. – V. 77. – C. 846-852.
98. Guimaraes, S.E.F. Association analyses of MC4R and PRKAG3 genes in pigs with different EBV for growth / S.E.F. Guimaraes, M.F. Rothschild, E. Huff-Lonergan, [et al.]. – 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Brazil, 2006. [<https://www.researchgate.net/publication/266893647>].
99. Hammermeister, A. Meat quality in pigs as related to RYR1 genotype and pre-slaughter rest / A. Hammermeister, J. Kapelanska, W. Kapelanski [et al.] // *Anim. Sci. Papers and Reports*. - 2004. – V. 22 - S. 3. - P. 31- 37.
100. Han, S.-H. Effects of ADCYP1R1, FABP3, FABP4, MC4R, MYL2 genotypes on growth traits in F2 population between landrace and jeju native black pig / S.-H. Han, K.-Y. Shin, S.-S. Lee [et al.] // *J. Anim. Sci. & Technl. (Kor.)*. – 2008. – V. 50 (5). – P. 621-632.

101. Houseknecht, K.L. The biology of leptin: A review / K.L. Houseknecht, C.A. Baile, R.L. Matteri, M.E. Spurlock // J. Anim. Sci. – 1998. V. 76. – P. 1405-1420.

102. Hunyadi-Bagi, Á. Association and polymorphism study of seven candidate genes with reproductive traits in three pig breeds in Hungary / Á. Hunyadi-Bagi, P. Balogh, K. Nagy, S. Kusza // Acta Biochimica Polonica. – 2016. – V. 63. [http://www.actabp.pl/pdf/Preprint/2015_1188.pdf].

103. Jiang, Z.H. Genetic polymorphisms in the leptin gene and their association with fatness in four pig breeds / Z.H. Jiang, J.P. Gibson // Mamm.Genome. – 1999. – V. 10. – P. 191-193.

104. Jung-Gun, R. Characterization and evaluation of melanocortin 4 receptor (MC4R) gene effect on pork quality traits in pigs / R. Jung-Gun, K. Sang-Wook, C. Jung-Suk, [et al.] // J. of anim. Sci. and Tech. – 2012. – V. 54 (1). – P. 1-8.

105. Kaminski, S. Relation between PvuII polymorphism within the estrogen receptor gene (*ESR*) and meatiness in Polish Large White boars / S. Kaminski, A. Rusc, P. Brym // J. Appl. Genet. – 2003. – V. 44. – № 4. – P. 521-524.

106. Kamiński, S. Simultaneous identification of ryanodine receptor 1 (RYR1) and estrogen receptor (ESR) genotypes with the multiplex PCR-RFLP method in Polish Large White and Polish Landrace pigs // S. Kamiński, A. Rusc, K. Wojtasik // J. Appl. Genet. – 2002. – V. 43 (3). – P. 331-335.

107. Kang, K. Association of variation in the MC4R gene with meat quality traits in a commercial pig population / K. Kang, [et al.] // J. Fac. Agr. – Kyushu Univ., 2015. – V. 60 (1). – P. 113-118.

108. Kennes, Y.M. Characterization of swine *leptin* (*LEP*) polymorphisms and their association with production traits / Y.M. Kennes, B.D. Murphy, F. Pothier, M.-F. Palin // Anim. Genetic. – 2001. – V. 32. – P. 215-218.

109. Kim, K.S. Investigation of porcine melanocortin-4 receptor (MC4R) polymorphism on economic traits / K.S. Kim, H.Y. Shin, J.-J. Lee, [et al.] // J. of life Science. – 2005. – V. 15. - № 6. – P. 968-971.

110. Kim, K.S. Rapid communication: Linkage and physical mapping of the porcine melanocortin-4 receptor (MC4R) gene / K.S. Kim, N.J. Larsen, M.F. Rothshild // *Anim. Sci.* - 2000. – V. 78. – P. 791-792.

111. Kmiec, M. Influence of RYR1 gene polymorphism on selected semen traits in pedigree boars kept AI stations / M. Kmiec, A. Terman, H. Kulig [et al.] // *Anim. Sci. Papers and Reports.* - 2004. - 22 - S. 3. - P. 267-272.

112. Kulig, H. Effect of leptin gene polymorphism on growth and carcass traits in pigs / H. Kulig, W. Grzesiak, I. Szatkowska // *Arch. Tierz.* – Dummerstorf, 2001. – V. 44 (3). – P. 291-296.

113. Kunová, S. Detection of leptin in muscle tissues and organs of pigs / Kunová S., Kačániová M., Čuboň J., [et al.] // *J. of Microbiology, Biotechnology and Food Sci.* – 2015 (4). – Special 2. – P. 66-69.

114. Kurył, J. A relationship between genotypes at the GH and LEP loci and carcass meat and fat deposition in pigs / J. Kurył, W. Kapelański, M. Pierzchała, [et al.] // *Anim. Sci. Pap. Rep.* 2003. – V. 21 (1). –P. 15-26.

115. Lee, S.H. Association between polymorphisms of the heart fatty acid binding protein gene and intramuscular fat content, fatty acid composition, and meat quality in Berkshire breed / S.H. Lee, Y.M. Choi, J.H. Choe, [et al.] // *Meat Sci.* – 2010. – V. 86. – P. 794-800.

116. Lemus-Flores, C. Genetic Diversity and Variation of ESR, RBP4 and FUT1 Genes in Mexican Creole and Yorkshire Pig populations / C. Lemus-Flores, [et al.] // *J. of Biolog. Sci.* – 2009. – V. 9 (8). – P. 878-883.

117. Li, C.L. Polymorphism of the H-FABP, MC4R and ADD1 genes in the Meishan and four other pig population in China / C.L. Li, Y.C. Pan, H. Meng // *South African Journal of Animal Science.* – 2006. – Vol 36. – N. 1. – P. 1-6.

118. Li, F.E. Correlation between an oestrogen receptor gene and reproductive traets in purebred and croccbred pig populations / F.E. Li, [et al.] // *South African J. of Anim. Sci.* – 2006. – V. 36 (4). – P. 243-247.

119. Linville, R.C. Candidate gene analysis for loci affecting litter size and ovulation rate in swine / R.C. Linville, D. Pomp, R.K. Johnson, M.F. Rothschild // *J. Anim. Sci.* – 2001. – V. 79. – P. 60-67.

120. Liu, D. Identification and genetic effects of a novel polymorphism in the distal promoter region of porcine leptin gene / D. Liu, Y. Hu, X. Yang [et al.] // *Mol. Biol. Rep.* – 2011. – V. 38. P. 2051-2057.

121. Lopez-Buesa, P. Joint analysis of additive, dominant and first-order epistatic effects of four genes (IGF2, MC4R, PRKAG3 and LEPR) with known effects on fat content and fat distribution in pigs / P. Lopez-Buesa, C. Burgos, A. Galve, L. Varona // *Stichting International Foundation for Animal Genetics.* – 2013. – V. 45. – P. 133-137.

122. Luerce, T.D. An improved method for characterization of the mutation associated to porcine stress syndrome by PCR amplification followed by restriction analysis / T.D. Luerce [et al.] // *Ciência Rural, Santa Maria.* – 2009. – V. 39. – №. 5. – P. 1577-1580.

123. Maffei, M. Leptin levels in human and rodent: measurement of plasma leptin and ob-RNA in obese and weight-reduced subject / M. Maffei, J. Halaas, E. Ravussin, [et al.] // *Nat. Med.* – 1995. – № 1. – P. 1155- 1161.

124. Mankowska, M. Novel polymorphisms in porcine 3'UTR of the leptin gene, including a rare variant within target sequence for MIR-9 gene in Duroc breed, not associated with production traits / M. Mankowska, M. Szydlowski, S. Salamon [et al.] // *Anim. Biotechnol.* – 2015. – V. 26. – P. 156-163.

125. Margeta, V. Utjecaj taqi polimorfizma u melanokortinskome receptoru (MC4R) na klaonicka svojstva svinja / V. Margeta, L. Vargovic, G. Kralik, G. Kusec. – 2009. [<https://www.researchgate.net/publication/27222301>].

126. Mencik, S. PRLR-AluI gene polymorphism and litter size traits in highly prolific line of topigs 20 sows / S. Mencik, V. Vukovic, M. Modric, [et al.] // *Acta Veterinaria-Beograd.* – 2015. – V. 65 (4). – P. 463-476.

127. Mitka, I. Analiza efektów genów warunkujących poziom tłuszczu śródmięśniowego (IMF) u świń oraz możliwości ich zastosowania w pracach

selekcyjnych – praca przeglądowa/ I. Mitka, M. Tyra, E. Wojtylak-Jurkiewicz // Wiadomości Zootechniczne, R. LIV. – 2016. – 2: 150-159.

128. Nechtelberger, D. Intramuscular fat content and genetic variants at fatty acid-binding protein loci in Austrian pigs / Nechtelberger D., Pires V., Solkner J., [et al.] // J. Anim. Sci. – 2001. – V. 79. P. 2798-2804.

129. Nitipongsuwan, S. Association of *FABP3* and *LEPR* gene polymorphisms with the drip loss trait of pork / S. Nitipongsuwan, S. Mekchay // J. of Agric. Technology. – 2015. – V. 11 (1). – P. 69-76.

130. Octura, J.E.R. Polymorphism in the Melanocortin-4 receptor gene and its effect on fatness and weight performance of Philippine native pigs: a preliminary study / J.E.R. Octura, R.R.C.S. Yambao, R.C. Santiago [et al.] // Inter. J. of Sci.: Bas. and App. Res. (IJSBAR) – 2014. – V. 15. – № 1. – P. 464-474.

131. Omelka, R. Simultaneous Detection of Malignant Hyperthermia and Genetic Predisposition or Improved Litter Size in Pigs by Multiplex PCR-RFLP/ R. Omelka, D. Vasicek, M. Martiniakova, [et al.] // Folia biologica (Krakow). – 2004. – V. 52. – № 1-2. – P. 113-115.

132. Orzechowska, B. Effect of the stress-sensitivity *RYR1^T* gene on muscling and fatness of carcasses and cuts, and meat quality in a Polish Large White, Duroc and Pietrain population / B. Orzechowska, M. Rozycki, M. Tyra [et al.] // Anim. Sci. Papers and Reports. - 2004.- 22- Suppl. 3. – P. 51-59.

133. Ovilo, C. Association of a missense mutation in the *MC4R* gene with growth and carcass traits in Iberian pigs / C. Ovilo, A. Fernandez, E. De Pedro [et al.] // ITEA. – 2006. – V. 102 (2). – P. 79-85.

134. Ovilo, C. Association of *MC4R* gene variants with growth, carcass composition and meat and fat quality traits in heavy pig / C. Ovilo, A. Fernandez, M.C. Rodriguez, [et al.] // Meat Science. – 2006. – V. 73. – P. 42-47.

135. Park, H.B. Melanocortin-4 receptor (*MC4R*) genotypes have no major effect on fatness in a large white × wild boar intercross / H.B. Park, O. Carborg, S. Marklund, L. Andersson // Animal genetics. – 2002. – V. 33. – P. 155-157.

136. Park, H.K. Leptin signaling / H.K. Park, R.S. Ahima // *F1000Prime Rep.* – 2014. – V. 6. – P. 73.
137. Park, S.-J. Effects of LEP, GYS1, MYOD1, and MYF5 polymorphisms on pig economic traits / S.-J. Park, J. Ha, I.-S. Kim [et al.] // *Ann. Anim. Sci.* – 2015. – V. 15 (3). – P. 629-640.
138. Perez-Montarelo, D. Haplotypic diversity of porcine LEP and LEPR genes involved in growth and fatness regulation / D. Perez-Montarelo, M.C. Rodríguez, A. Fernandez, [et al.] // *J. Appl. Genetics.* – 2015. – V. 56. – Issue 4. P. 525-533.
139. Perez-Montarelo, D. Joint effects of porcine leptin and leptin receptor polymorphisms on productivity and quality traits / D. A.Perez-Montarelo, Fernandez, J.M. Folch, [et al.] // *Anim. Genet.* – 2012. – V. 43. – P. 805-809.
140. Riojas-Valdes, V.M. Allele frequency of porcine stress syndrome in Nuevo Leon by PCR-RFLP analysis / V.M. Riojas-Valdes [et al.] // *Veterinaria Mexico.* – 2005. – V. 36. – № 3. – P. 261-267.
141. Rothschild, M.F. PvuII polymorphisms at the porcine estrogen-receptor locus (ESR) / M.F. Rothschild, R.G. Larson, C. Jacobson, P. Pearson // *Anim. Genet.* – 1991. - № 22. – P. 448.
142. Russo, V. Analysis of single nucleotide polymorphisms in major and candidate genes for production traits in Nero Siciliano pig breed / V. Russo, [et al.] // *Ital. J. Anim. Sci.* – 2004. – V. 3. – P. 19-29.
143. Salajpal, K. Effect of MC4R polymorphism on physiological stress response in pigs / Salajpal K., Dikic M., Karolyi D., [et al.]. – 2007. [<https://www.researchgate.net/publication/27200602>].
144. Sang-Wook, K. Development of optimal breeding pigs using DNA marker information / K. Sang-Wook, [et al.] // *Genomics & informatics.* – 2010. – V. 8 (2). – P. 81-85.
145. Sasaki, S. Assignment of the porcine obese (leptin) gene to Chromosome 18 by linkage analysis of a new PCR-based polymorphism / S. Sasaki, A.C. Clutter, D. Pomp // *Mammalian Genome.* – 1996. – V. 7. – P. 471-472.

146. Schroyen, M. The MC4R c.893G > A mutation: A marker for growth and leanness associated with boar taint odour in Belgian pig breeds / M. Schroyen, S. Janssens, A. Stinckens, [et al.] // *Meat Science*. – 2015. – V. 101. – P. 1-4 [<https://www.researchgate.net/publication/268218383>].
147. Short, T.H. Effect of the estrogen receptor locus on reproduction and production traits in four commercial pig lines / T.H. Short, M.F. Rothschild, O.I. Southwood [et al.] // *J. Anim. Sci.* - 1997. – V. 75. – P. 3138-3142.
148. Skrzypczak, E. Effect of prolactin receptor (PRLR) and beta-casein (CSN2) gene polymorphism on the Chemical Composition of Milk Sows / E. Skrzypczak, M. Babicz, M. Pastwa // *Folia Biologica. Krakow*. – 2015. – V. 63 (2). – P. 135-144.
149. Switonski, M. Genetics of fat tissue accumulation in pigs: a comparative approach / M. Switonski, [et al.] // *J. Appl. Genet.* – 2010. – V. 51 (2). – P. 153-168.
150. Szreder, T. Estrogen receptors and their genes potential markers of functional and production traits of farm animals / T. Szreder, L. Zwierzchowski // *Mol. Biol. Rep.* - 2007. – V. 34. - P. 207-211.
151. Szydlowski, M. No major effect of the leptin gene polymorphism on porcine production traits / M. Szydlowski, M. Stachowiak, M. Mackowski, [et al.] // *J. Anim. Breed. Genet.* – 2004. – V. 121. – P. 149-155.
152. Szyndler-Nedza, M. Association between LEPR and MC4R genes polymorphisms and composition of milk from sows of dam line / M. Szyndler-Nedza, M. Tyra, K. Ropka-Molik, [et al.] // *Mol. Biol. Rep.* – 2013. – V. 40. – P. 4339-4347.
153. Tempfli, K. PRLR, MC4R and LEP polymorphisms, and ADIPOQ, A-FABP and LEP expression in crossbred mangalica pigs / K.Tempfli, Z. Simon, B. Kovács, [et al.] // *The J. of Anim. & Plant Sci.* – 2015. – V. 25 (6). – P. 1746-1752.
154. Terman, A. Effect of the polymorphism of prolactin receptor (*PRLR*) and leptin (*LEP*) genes on litter size in Polish pigs / A. Terman // *J. of Anim. Breeding and Genetics*. – 2005. – V. 122 (6). – P. 400-404.
155. Tyra, M. Effect of the *FABP3* and *LEPR* gene polymorphisms and expression levels on intramuscular fat (IMF) content and fat cover degree in pigs / M. Tyra, K. Ropka-Molik // *Livest. Sci.* – 2011. – V. 142. – P. 114-120.

156. Urban, T. Genetic diversity in populations of Czech Large White pigs / T. Urban, B. Cernoskova. – conf. Mendel Univ. in Brno, 2015. [<https://www.researchgate.net/publication/283901782>].

157. Urban, T. Polymorphism of genes encoding for ryanodine receptor, growth hormone, leptin and MYC protooncogene protein and meat production in Duroc pigs / T. Urban, R. Mikolasova, J. Kuciel // Czech J. Anim. Sci. – 2002. – V. 47 (10). – P. 411-417.

158. Van den Maagdenberg, K. The Asp298Asn missense mutation in the porcine melanocortin-4 receptor (MC4R) gene can be used to affect growth and carcass traits without an effect on meat quality / K. Van den Maagdenberg, A. Stinckens, E. Claeys, [et al.] // *Animal*. – 2007. – V. 1:8. – P. 1089-1098.

159. Vincent, A.L. Prolactin receptor maps to pig chromosome 16 / A.L. Vincent, L. Wang, C.K. Tuggle [et al.] // *Mamm. Genome*. – 8 (10) – 1997. – P. 793-794.

160. Wierzchowska, A. The association of leptin gene polymorphism with reproductive usefulness and selected blood biochemical indicators of hybrid sows (Polish Large White × Polish Landrace) / A. Wierzchowska, A. Kołodziej-Skalska, D. Napierała, [et al.] // *Acta Vet. BRNO*. – 2012. – V. 81. – P. 333-337.

161. Yin, C. The Polymorphism Distribution of H-FABP and LPIN1 Gene in Junmu 1 White, Duroc and Tibetan Pigs / Yin C., Sun B., Zhao Z., [et al.] // *China Anim. Husbandry & Vet. Med.* – 2011. – Issue 8. – P. 141-146.

ПРИЛОЖЕНИЯ

УТВЕРЖДАЮ

Зам. директора ФГБУ «Татарская МВЛ»

А.Р. Садриев

« 2016 г.

АКТ

о проведении в отделе вирусологии и генно-молекулярной диагностики ФГБУ «Татарская МВЛ» научных исследований аспирантом кафедры технологии животноводства И.И. Гиниятуллиным, ассистентом кафедры технологии животноводства Л.А. Рахматовым, и.о. профессора кафедры технологии животноводства ФГБОУ ВО «Казанская государственная академия ветеринарной медицины имени Н.Э. Баумана» Т.М. Ахметовым и заведующим отделом ФГБУ «Татарская МВЛ» С.В. Тюлькиным

В период 2014-2016 гг. на базе отдела вирусологии и генно-молекулярной диагностики ФГБУ «Татарская МВЛ» методом ДНК-анализа определены генотипы генов *PRLR*, *ESR*, *RYR1*, *LEP*, *H-FABP*, *MC4R* у основных йоркшир × ландраских свиноматок КФХ «Пашков С.И.» Верхнеуслонского района Республики Татарстан.

Проведённые исследования показали, что у 115 свиней распределение генотипов было следующее: *AA* – 61, *AB* – 39, *BB* – 15 по гену *PRLR*; *WW* – 79, *WM* – 32, *MM* – 4 по гену *ESR*; *NN* – 115 по гену *RYR1*; *TT* – 12, *CT* – 103 по гену *LEP*, *AA* – 21, *AB* – 30, *BB* – 64 по гену *H-FABP*; *AA* – 7, *AB* – 56, *BB* – 52 свиноматок по гену *MC4R* соответственно.

Полученные данные рекомендуется использовать в лабораториях, проводящих исследования на молекулярном уровне, а также в селекционной работе свиноводческих хозяйств.

Аспирант кафедры технологии животноводства



И.И. Гиниятуллин

Ассистент кафедры технологии животноводства



Л.А. Рахматов

И.о. профессора кафедры технологии животноводства



Т.М. Ахметов

Заведующий отделом вирусологии и генно-молекулярной диагностики



С.В. Тюлькин


 ПЕРЖДАЮ
 «Пашков С.И.»
 И. Пашков
 09.08.2016 г.
 АКТ

о проведении научных исследований совместно кафедрой технологии животноводства И.И. Гиниятуллиным, ассистентом кафедры технологии животноводства Л.А. Рахматовым, и.о. профессора кафедры технологии животноводства ФГБОУ ВО «Казанская государственная академия ветеринарной медицины имени Н.Э. Баумана» Т.М. Ахметовым и заведующим отделом вирусологии и генно-молекулярной диагностики ФГБУ «Татарская межрегиональная ветеринарная лаборатория» С.В. Тюлькиным в КФХ «Пашков С.И.» Верхнеуслонского района Республики Татарстан.

В период 2014-2016 гг. в КФХ «Пашков С.И.» Верхнеуслонского района Республики Татарстан на 115 помесных (йоркшир х ландрас) свиноматках проведены научные исследования по определению методом ПЦР-анализа генотипов генов эстрогенового рецептора (ESR), пролактинового рецептора (PRLR), меланокортинового рецептора 4 (MC4R), лептина (LEP) и белка, связывающего жирные кислоты (H-FABP).

Проведённые исследования показали, что по репродуктивным качествам выгодно отличались свиноматки с генотипами AA и AB по сравнению с аналогами с генотипом BB гена PRLR и генотипы MM и WM по сравнению с аналогами с генотипом WW гена ESR. Тогда как по откормочным и воспроизводительным качествам превосходство имел генотип CT по сравнению с аналогами с генотипом TT гена LEP, генотипы AB и BB по сравнению с аналогами с генотипом AA гена H-FABP и генотипы AB и BB по сравнению с аналогами с генотипом AA гена гена MC4R.

Применение полученных результатов исследований в свиноводстве позволит вести селекционную работу на уровне ДНК.

Главный зоотехник

Сем

Г.В. Семенов

Ветеринарный врач

Лоб

Н.Н. Лобашов

Аспирант кафедры технологии животноводства

ГГ

И.И. Гиниятуллин

Ассистент кафедры технологии животноводства

Рах

Л.А. Рахматов

И.о. профессора кафедры технологии животноводства

Ах

Т.М. Ахметов

Заведующий отделом вирусологии и генно-молекулярной диагностики

Тю

С.В. Тюлькин

УТВЕРЖДАЮ
Директор ООО «ТАТМИТ Агро»



[Signature] П.Л. Полуянов
« 03 » МАРТА 2016 г.

о проведении научных исследований аспирантом кафедры технологии животноводства И.И. Гиниятуллин, старшим преподавателем кафедры технологии животноводства Л.А. Рахматовым, профессором кафедры технологии животноводства ФГОУ ВПО «Казанская государственная академия ветеринарной медицины имени Н.Э. Баумана» Т.М. Ахметовым и заведующим отделом вирусологии и генно-молекулярной диагностики ФГБУ «Татарская межрегиональная ветеринарная лаборатория» С.В. Тюлькиным в ООО «ТАТМИТ Агро» Сабинского района Республики Татарстан

В период 2014-2015 гг. в ООО «ТАТМИТ Агро» Сабинского района Республики Татарстан на 62 свиноматках крупной белой породы проведены научные исследования по изучению воспроизводительных качеств свиноматок с разными генотипами по локусу генов: PRLR, ESR, H-FABP и MC4R.

Исследования были проведены в идентичных условиях содержания и кормления свиней. Данные исследования показали, что наибольшим многоплодием обладали свиноматки с генотипами BB гена PRLR, MM гена ESR, BB гена H-FABP, AB гена MC4R; они превосходили по данному показателю своих сверстниц на 0,77-1,12 поросят (PRLR), на 0,53-1,34 поросят (ESR), 0,89-1,92 поросят (H-FABP), на 0,58 поросят (MC4R) соответственно.

Внедрение в селекционную работу полученных результатов исследований позволит увеличить многоплодие свиноматок крупной белой породы.

Начальник цеха

[Signature]

Х.Р. Гатауллин

Ветеринарный врач

[Signature]

А.М. Кашапова

Аспирант кафедры технологии животноводства

[Signature]

И.И. Гиниятуллин

Старший преподаватель кафедры технологии животноводства

[Signature]

Л.А. Рахматов

Профессор кафедры технологии животноводства

[Signature]

Т.М. Ахметов

Заведующий отделом вирусологии и генно-молекулярной диагностики

[Signature]

С.В. Тюлькин