

ОТЗЫВ

официального оппонента **Калашниковой Любови Александровны** на диссертационную работу **Гиниятуллина Ильнара Ильхамовича** на тему «ДНК-тестирование аллельного полиморфизма помесных (йоркшир х ландрас) свиней по генам продуктивности», представленную на соискание учёной степени кандидата биологических наук по специальности 06.02.07 – разведение, селекция и генетика сельскохозяйственных животных.

Современные методы генетической оценки позволяют определить в геноме свиней наличие желательных вариантов генов, связанных с продуктивными признаками, и перевести селекционно-племенную работу на новый качественный уровень. Исследования автора по генотипированию животных и определению взаимосвязи генотипов с показателями продуктивности выполнены в **актуальном** направлении.

Объектом исследования послужили помесные свиноматки йоркшир х ландрас, принадлежащие КФХ «Пашков С.И.» Верхнеуслонского района Республики Татарстан.

Автором **впервые** проведены комплексные исследования по 6-ти генам-кандидатам признаков продуктивности PRLR, ESR, RYR1, LEP, H-FABP и MC4R и установлена частота встречаемости отдельных генотипов и их сочетаний у помесных свиноматок йоркшир х ландрас. Выявлена взаимосвязь генотипов с показателями воспроизводства, экстерьера и мясной продуктивности.

Теоретическая значимость диссертационной работы заключается в том, что полученные знания открывают возможность поиска механизмов взаимосвязи полиморфизма генов, кодирующих гормоны, рецепторные и структурные белки, с формированием продуктивных признаков животных.

Практическая значимость результатов исследования основывается на превосходстве показателей продуктивности помесных свиноматок генотипов АВ и ВВ гена PRLR, WM и MM гена ESR, СТ гена LEP, АВ и ВВ гена H-FABP, АВ и ВВ гена MC4R над аналогами других генотипов и

подтверждается расчетом экономической эффективности использования животных желательных генотипов.

Исследования проводились с использованием общепринятых зоотехнических и статистических методов, а также современных методов молекулярно-генетического анализа.

Структура диссертации соответствует требованиям ВАК. Диссертация изложена на 125 страницах, состоит из введения, литературного обзора, описания материалов и методов исследований, результатов исследований, заключения, предложений производству, списка использованной литературы и 3-х приложений. Работа содержит 15 рисунков и 24 таблицы. Список использованной литературы включает 161 источник, в том числе 79 на иностранных языках.

Автореферат в краткой форме отражает основные положения диссертационной работы.

В первом разделе собственных исследований автор представляет результаты апробации и оптимизации известных способов проведения ПЦР-ПДРФ для генотипирования свиней по генам PRLR, ESR, RYR1, LEP, H-FABP и MC4R. Исследования показали, что полученные электрофореграммы пригодны для идентификации генотипов и отвечают требованиям воспроизводимости результатов.

Изучение полиморфизма генов-кандидатов показало, что у помесных свиноматок чаще встречаются: генотип AA (53%) и аллель A (0,70) гена PRLR, генотип WW (69%) и аллель W (0,83) гена ESR, генотип CT (90%) и аллель T (0,55) гена LEP, генотип BB (56%) и аллель B (0,69) гена H-FABP, генотип AB (49%) и аллель B (0,70) гена MC4R. Ген RYR1 в исследуемой группе животных оказался мономорфным и представлен генотипом NN.

По результатам исследования генетической структуры стада по комплексным генотипам можно заключить, что с учетом 2-х генов более 90% стада представлены 4-мя генотипами PRLR/ESR: ABWW – 31% свиноматок, AAWW – 26%, AAWM – 23%, BBWW – 11%. При рассмотрении 4-х генов

RYR1/LEP/H-FABP/MC4R наблюдается сходная картина - 80% стада представлены 4-мя генотипами: NNCTBBBB – 30% свиноматок, NNCTBBAB – 26%, NNCTABAB – 18%, NNCTAABB – 6%. Прочие генотипы можно отнести к редко встречающимся. При рассмотрении комплексных генотипов по всем 6-ти исследованным генам PRLR, ESR, RYR1, LEP, H-FABP и MC4R из 33 выявленных генотипов лишь 7 генотипов встречаются с частотой более 5% (6 голов и больше): AAWWNNCTBBBB – 14,8%) свиноматок, ABWWNNCTBBAB – 11,3%, AAWMNNCTBBAB – 9,6%, AAWMNNCTABAB – 7,0%, AAWWNNCTABAB, AAWMNNCTBBBB, ABWWNNCTABAB по 5,2%. В сумме они представляют более половины стада (58%).

Анализ хозяйственно-полезных признаков свиноматок с разными генотипами генов PRLR, ESR, RYR1, LEP, H-FABP, MC4R позволил автору выявить генотипы, связанные с показателями продуктивности. По многоплодию, количеству поросят и массе гнезда при отъеме превосходство имели свиноматки, несущие в своём геноме А-аллель гена PRLR и М-аллель гена ESR по сравнению с генотипом BB гена PRLR. и генотипом WW гена ESR. По толщине шпика и длине тела лучшие показатели у свиноматок с генотипами СТ гена LEP, АВ и ВВ гена H-FABP, АВ и ВВ гена MC4R.

При учете комплексных генотипов по двум генам PRLR/ESR отмечено преимущество комбинаций генотипов AAWW, ABWW (по толщине шпика), BBWM (по длине тела) и AAWM, AAMM (по количеству поросят и массе гнезда при отъеме).

При рассмотрении 4-х генов RYR1/LEP/H-FABP/MC4R и всех 6-ти генов PRLR/ESR/RYR1/LEP/H-FABP/MC4R выявлено превосходство комбинаций генотипов NNTTABAB, NNTTABBB и ABWWNNCTBBBB, ABWMNNCTBBAB, ABWMNNCTBBBB, BBWWNNTTABBB, BBWWNNCTBBAB, BBWWNNCTBBBB, BBWMNNTTABAB (по толщине шпика), NNTTABAB и BBWMNNTTABAB (по длине тела), NNCTABAA и AAMMNNCTABBB, ABWMNNCTBBAB (по количеству поросят и массе гнезда при отъеме).

Расчет экономической эффективности содержания свиноматок с различными генотипами показал возможность получения более высокой прибыли от животных с желательными комбинациями аллелей генов-кандидатов.

В целом необходимо отметить, что материал диссертационной работы Гиниятуллина И.И. представляет научно-теоретический и практический интерес. Основные положения диссертации опубликованы в соответствии с требованиями ВАК РФ и обсуждены на конференциях.

Выше изложенное позволяет дать рецензируемой работе положительную оценку. Вместе с тем по работе имеются некоторые замечания:

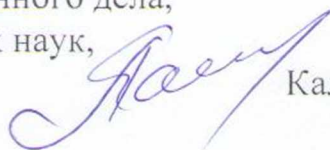
1. Хотелось бы уточнить, в чем конкретно заключается отличие от прототипа и усовершенствование методов ПЦР и ПДРФ?
2. В диссертации отсутствуют точные наименования исследуемых мутаций.
3. При оценке взаимосвязей между генотипами и показателями продуктивности, как и при оценке экономической эффективности следует с осторожностью принимать в рассмотрение малочисленные группы особей.
4. Само по себе генотипирование животных, как и их отбор, не позволяет получить прибыль, как указано в выводе 8. Прибыль принесет увеличение в стаде количества животных с желательными генотипами.
5. Отсутствие в автореферате таблиц и графиков затрудняет восприятие результатов.

Приведённые замечания не снижают значимости полученных результатов для расширения использования ДНК-маркеров в свиноводстве. Представленная работа направлена на решение актуальных проблем отрасли свиноводства в Республике Татарстан. Её результаты могут быть полезны в селекционно-племенной работе и в других регионах страны.

Заключение. Работа Гиниятуллина И.И. по актуальности, новизне, объему проведенных исследований, теоретической и практической значимости результатов отвечает требованиям ВАК РФ, предъявляемым к кандидатским диссертациям, а её автор заслуживает присвоения искомой степени кандидата биологических наук по специальности 06.02.07 – разведение, селекция и генетика сельскохозяйственных животных.

Официальный оппонент:

зав. лабораторией ДНК-технологий
ФГБНУ ВНИИ племенного дела,
доктор биологических наук,
профессор



Калашникова Любовь Александровна

ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт племенного дела» 141212 Московская обл., Пушкинский р-н, п. Лесные Поляны, тел. 8 (495) 515-95-57, lakalashnikova@mail.ru

Подпись Л.А. Калашниковой заверяю.
Ученый секретарь ВНИИплем, к.с.-х.н.



Л.Н. Григорян

10 ноября 2017 г.