

**УЧРЕЖДЕНИЕ ОБРАЗОВАНИЯ  
«ГРОДНЕНСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ АГРАРНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»**

УДК 636.2.082.2

**ГЛИНСКАЯ  
НАТАЛЬЯ АНАТОЛЬЕВНА**

**STR-ПОЛИМОРФИЗМ ГЕНОФОНДА КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА  
БЕЛОРУССКОЙ ЧЕРНО-ПЕСТРОЙ ПОРОДЫ  
И ЕГО ИСПОЛЬЗОВАНИЕ В СЕЛЕКЦИИ**

**Автореферат**  
диссертации на соискание ученой степени  
кандидата сельскохозяйственных наук

по специальности 06.02.07 – разведение, селекция, генетика  
и воспроизводство сельскохозяйственных животных

Гродно, 2014

Работа выполнена в Учреждении образования «Гродненский государственный аграрный университет» и Учреждении образования «Полесский государственный университет».

### **Научные руководители:**

**Танана Людмила Александровна**, доктор сельскохозяйственных наук, профессор, УО «Гродненский государственный аграрный университет», кафедра генетики и разведения сельскохозяйственных животных.

**Епишко Татьяна Ивановна**, доктор сельскохозяйственных наук, доцент, УО Гродненский государственный аграрный университет», кафедра генетики и разведения сельскохозяйственных животных.

### **Официальные оппоненты:**

**Шейко Иван Павлович**, доктор сельскохозяйственных наук, профессор, академик Национальной академии наук Беларуси, первый заместитель генерального директора Научно-практического центра Национальной академии наук Беларуси по животноводству;

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

**Оппонирующая организация:** Учреждение образования «Витебская орден «Знака Почета» государственная академия ветеринарной медицины».

Защита состоится «19» декабря 2014 года в 10<sup>00</sup> часов на заседании совета по защите диссертаций К 05.32.01 при УО «Гродненский государственный аграрный университет» по адресу: 230023, Республика Беларусь, г. Гродно, ул. Академическая, 10; тел. (0152) 77-09-09, 77-19-15.

С диссертацией можно ознакомиться в библиотеке УО «Гродненский государственный аграрный университет».

Автореферат разослан «\_\_\_» \_\_\_\_\_ 2014 г.

Ученый секретарь совета  
по защите диссертаций,  
кандидат биологических наук

Сехин А.А.

**Ведение.** Интенсификация племенного животноводства требует дальнейшего развития теоретических основ и совершенствования организационных форм селекции сельскохозяйственных животных за счет привлечения новых методов оценки генотипов животных.

Обобщение и анализ данных научной литературы показывают, что в настоящее время для решения различных вопросов, связанных с определением породной принадлежности, происхождения потомков, их генетического полиморфизма и ассоциации с продуктивностью животных активно используются STR-локусы (Шевченко В.Г., 2000; Зайцева М.А., 2004; Зиновьева Н.А., 2008; Храброва Л.А., 2008).

Ранее в мировом животноводстве, в том числе и Республике Беларусь, для оценки достоверности происхождения животных использовали иммуногенетические маркеры, однако с достижениями молекулярной биологии, в качестве альтернативы серологическим методам, разработан метод анализа ДНК по STR-локусам, являющийся более информативным, который предложен как основной для установления происхождения сельскохозяйственных животных (Сулимова Г.Е., 1995; Кленовицкий Н.А., 2005; Сердюк Г.Н., 2007).

Следует отметить, что запатентованная технология требует закупки дорогостоящего импортного оборудования и полного комплекта реагентов для проведения генетической экспертизы. Учитывая уровень финансирования племенного животноводства в Беларуси, тестирование племенных животных в этом случае может быть лишь выборочным. Поэтому выходом из сложившейся ситуации является разработка отечественной системы оценки достоверности происхождения животных по STR-локусам, позволяющей снизить затраты на генотипирование.

## **ОБЩАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА РАБОТЫ**

**Связь работы с крупными научными программами и темами.** Диссертационная работа выполнялась в рамках государственной программы фундаментальных исследований «Импортозамещение» от 08 декабря 2010 года (№ госрегистрации 20102862) по теме «Разработать и внедрить импортозамещающую технологию установления происхождения крупного рогатого скота». Тема соответствует приоритетному направлению фундаментальных и прикладных исследований Республики Беларусь пункта 9 «Производство, хранение и переработка сельскохозяйственной продукции»; подпункта 9.5 «Технологии и методы совершенствования породного состава, содержания, кормления, воспроизводства, ветеринарной защиты и целевого использования сельскохозяйственных животных», утвержденному Постановлением Совета Министров Республики Беларусь от 19 апреля 2010 года № 585.

Исследования по теме диссертационной работы проведены в соответствии с научно-исследовательской работой по теме: «Совершенствование генетических ресурсов черно-пестрого скота путем использования ДНК – технологий» в рамках Республиканской комплексной программы по племенному делу в животноводстве на 2011–2015 годы в соответствии с Приказом Министра сельского хозяйства и продовольствия Республики Беларусь от 15 февраля 2011 го-

да № 65 (номер госрегистрации 20112852), выполняемой на кафедре генетики и разведения сельскохозяйственных животных учреждения образования «Гродненский государственный аграрный университет».

**Цель и задачи исследований.** Разработать импортозамещающую систему оценки достоверности происхождения потомков животных на основе изучения STR-полиморфизма генофонда крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы.

Для достижения поставленной цели необходимо было решить следующие задачи:

- разработать и адаптировать импортозамещающую систему установления происхождения потомков крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы по полиморфизму STR-локусов;

- изучить полиморфизм STR-локусов, используемых при установлении происхождения потомков крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы;

- выявить ассоциацию полиморфизма STR-локусов и генов белковомолочности с хозяйственно полезными признаками крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы;

- определить эффективность использования системы оценки происхождения потомков крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы по STR-локусам.

Объектом исследований служили половозрастные группы крупного рогатого скота черно-пестрой породы и биологический материал для ДНК-тестирования животных.

Предмет исследований – STR-полиморфизм генофонда крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы.

**Положения, выносимые на защиту:**

- разработка и внедрение импортозамещающей системы оценки достоверности происхождения потомков крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы по STR-локусам, позволяющей проводить тестирование животных с высокой степенью точности (99,999%), снизить затраты на генотипирование животных в 2,4 раза;

- особенности генетической структуры крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы по STR-локусам, заключающиеся в выявлении в среднем 12,822 аллелей с частотой встречаемости 0,001–0,313, высокого уровня гетерозиготности (0,689–0,922) и информативной ценности использованных маркеров (0,580–0,862);

- взаимосвязь полиморфизма STR-локусов и генов белковомолочности с хозяйственно полезными признаками крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы, обеспечивающие увеличение удоя от 4,8% до 14,1%, жирномолочности на 0,04–0,18 п.п. и содержание белка в молоке на 0,02–0,14 п.п.

**Личный вклад соискателя.** Диссертационная работа является законченным научно-исследовательским трудом. Личный вклад соискателя состоит в выборе и обосновании направления исследований, проведении экспериментальных работ, статистической обработке полученных результатов, подготовке

научных публикаций и рукописи диссертации. В публикациях, написанных без соавторов [2, 3], приводятся данные по сравнительной оценке полиморфизма 11 STR-локусов у крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы девяти изученных групп животных. Авторское участие соискателя в научных публикациях [1, 4–18] заключалось в подготовке докладов, в предоставлении и оформлении материалов, методов и результатов исследований по изучению полиморфизма STR-локусов крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы; в методических рекомендациях [19, 20] – в оформлении и подготовке материалов к публикации и рассмотрению на НТС. Изданы «Методические рекомендации по проведению оценки достоверности происхождения крупного рогатого скота по полиморфизму нуклеотидных последовательностей ДНК» и практические рекомендации «Технология проведения оценки достоверности происхождения крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы по STR-локусам».

**Апробация результатов диссертации.** Основные положения и результаты диссертационной работы доложены и обсуждены на международных научно-практических конференциях «Устойчивое развитие экономики: состояние, проблемы, перспективы» (г. Пинск, 2010), «Современные технологии сельскохозяйственного производства» (г. Гродно, 2010, 2011)», «Актуальные проблемы интенсивного развития животноводства» (г. Горки, 2011), «Генетика и биотехнология 21 века: проблемы, достижения, перспективы» (г. Минск, 2012), «Практико-ориентированные биотехнологические исследования в растениеводстве, животноводстве и медицине» (г. Брест, 2013); научно-техническом совете УО «Гродненский государственный аграрный университет» (протокол № 2 от 13 мая 2014 г.).

**Опубликованность результатов диссертации.** По теме диссертации опубликовано 20 научных работ, общий объем которых составляет 125 страниц (6,68 авторского листа). Из них 6 работ объемом 39 страниц, или 2,69 авторских листа, опубликовано в изданиях согласно перечню, рекомендуемому ВАК для опубликования результатов диссертационных исследований (в том числе 2 лично автором, или 0,9 авторского листа), 2 рекомендаций объемом 53 страницы, или 2,18 авторского листа (лично автором 1,68 авторского листа), 8 материалов конференций и 4 статьи в не рецензируемых изданиях общим объемом 33 страницы, или 2,14 авторского листа (лично автором 1,72 авторского листа).

**Структура и объем диссертации.** Диссертация изложена на 108 страницах машинописного текста, состоит из введения, общей характеристики работы, основной части, представленной тремя главами: (обзор литературы, материалы и методы исследований, результаты исследований) и заключения. Работа иллюстрирована 17 рисунками, содержит 22 таблицы. Библиографический список (объемом 19 страниц) включает 192 использованных источника (76 русскоязычных и 116 англоязычных) и 20 публикаций соискателя.

## ОСНОВНОЕ СОДЕРЖАНИЕ РАБОТЫ

**Материалы и методы исследований.** Исследования проводились в период с 2011 по 2014 гг. на кафедре генетики и разведения сельскохозяйствен-

ных животных УО «Гродненский государственный аграрный университет», а также в научно-исследовательской лаборатории промышленной биотехнологии УО «Полесский государственный университет», согласно схеме, представленной на рисунке 1.

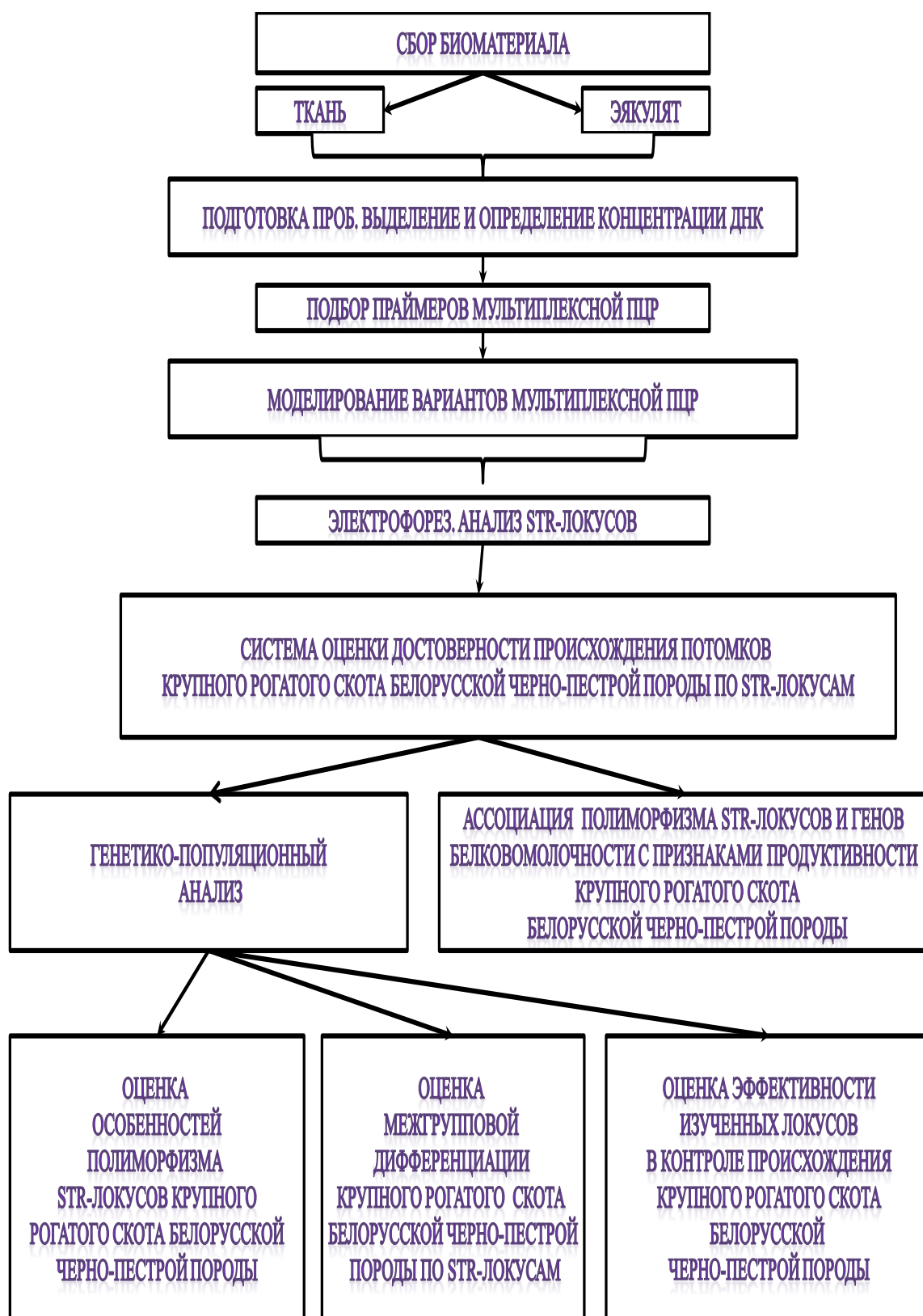


Рисунок 1 – Общая схема проведения исследований

Исследован полиморфизм STR-локусов у 68 быков-производителей, 199 быкопроизводящих коров и 249 ремонтных бычков по разработанной импортозамещающей системе установления происхождения потомков крупного рогатого скота белорусской черно-пестрого по STR-локусам с использованием отечественных реактивов.

ДНК экстрагировали из проб ткани уха и спермы животного перхлоратным методом. Концентрацию, степень очистки, нативность оценивали на спектрофотометре NanoDrop 1000. Оптимальная концентрация геномной ДНК, необходимой для проведения мультиплексной реакции, составила 30–200 нг/мкл.

С учетом рекомендаций ISAG нами отобрано 11 локусов, обладающих достаточной информативностью, использовавшихся для анализа ДНК крупного рогатого скота в наибольшем числе публикаций, для которых имеются сведения об их хромосомной локализации, числе выявленных аллелей и их размерах.

Также нами был осуществлен подбор структуры и концентрации праймеров для реализации мультиплексных вариантов полимеразной цепной реакции с помощью программного обеспечения Oligo 5.0 Primer Design Software.

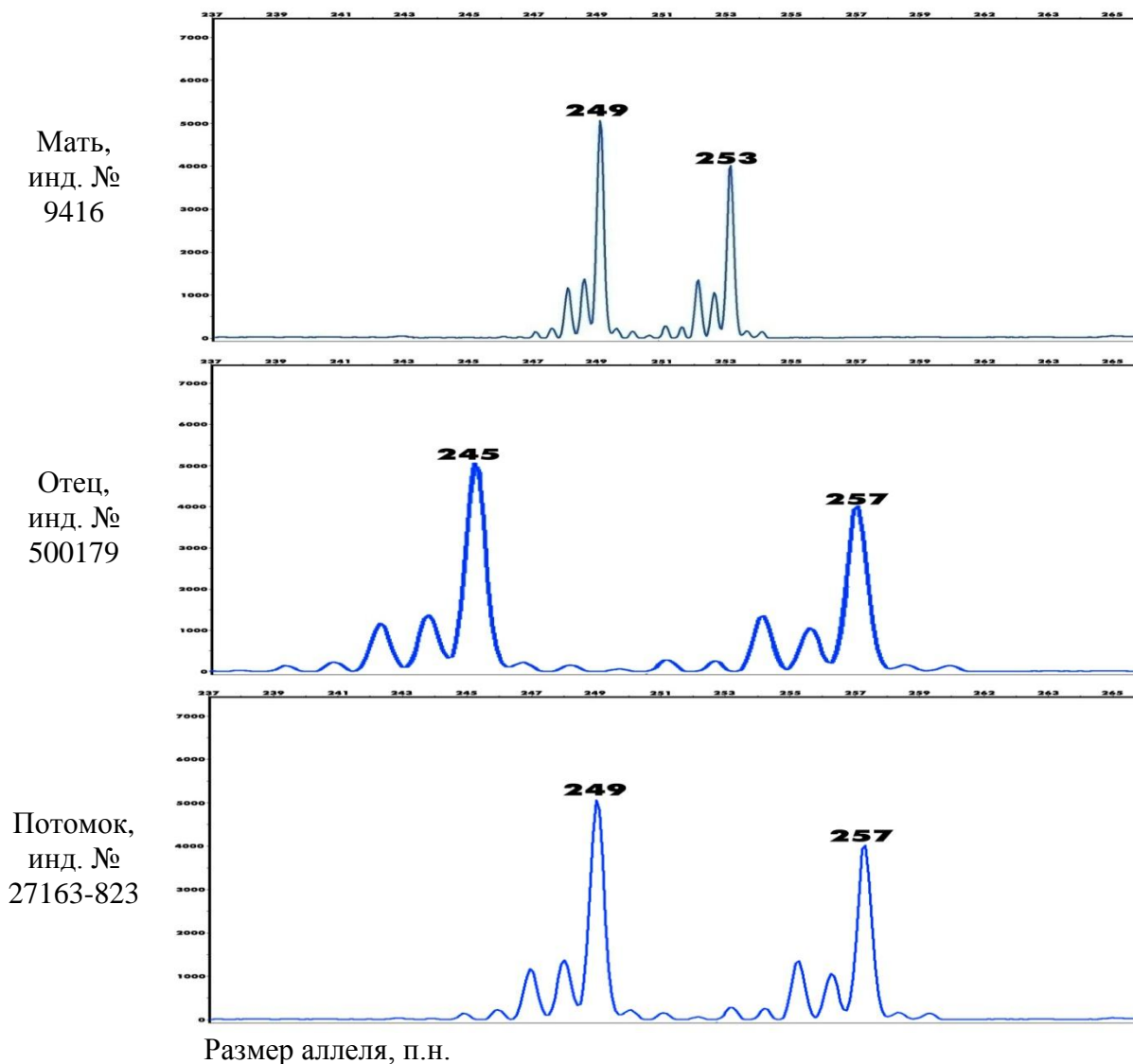
Постановку ПЦР проводили, реализуя две мультиплексные реакции, состоящие из трех (3 mix) и восьми (8 mix) микросателлитных локусов, с подобранными праймерами, синтезированными компанией ОДО «Праймтех» Республики Беларусь.

Мультиплексная реакция готовилась в объеме 15 мкл и включала следующие компоненты: 10-х ПЦР буфер – 1,5 мкл;  $MgCl_2$  (25 mM) – 1,8 мкл; dNTPmix (10–12 mM) – 1,5 мкл; праймеры (3 mix) – 55,28 mM; праймеры (8 mix) – 64,45 mM; Taq-полимераза – 1 ед.; ДНК – 1 мкл (конц. 30–200 нг/мкл); вода (ионизированная) – до 15 мкл.

Для проведения реакции использовали ПЦР программу: «горячий старт» – 3 мин при  $95^{\circ}C$ ;  $97^{\circ}C$  – 20 сек; 32 цикла: денатурация – 30 сек при  $95^{\circ}C$ , отжиг  $65^{\circ}C$  – 1 сек и  $59^{\circ}C$  – 1 мин 15 сек; элонгация – 30 сек при  $68^{\circ}C$ ; достройка 30 сек –  $70^{\circ}C$  и охлаждение  $4^{\circ}C$ .

Образцы, перед постановкой в секвенатор, денатурировали в течение 5 мин при  $95^{\circ}C$ , с последующим охлаждением при  $4^{\circ}C$  в смеси объемом 15 мкл, включающей: 1,2 мкл амплификата, 0,5 мкл LIZ-500 size standard и 13,3 мкл Ni-Di formamide. Затем производилась непосредственная загрузка образцов в секвенатор типа «ABI Prism 3130», позволяющего проводить генетическую экспертизу в автоматическом режиме с высокой степенью точности, руководствуясь протоколом. Далее проводился анализ результатов с помощью программного обеспечения GeneMapper Software Version 4.0. (рисунок 2).

На рисунке 2 видно, что потомок по локусу SPS115 унаследовал один аллель от матери (249) и один от отца (257). Если по всем 11 STR-локусам наблюдается такая же картина, то вероятность подтверждения родства составляет 99,999%. Если по 1-2 локусам потомок наследует аллель одного из двух родителей, а по остальным локусам аллели обоих родителей, то вероятность подтверждения родства составляет 99,973%. Но, если же по трем и более локусам у потомка аллель от отца или матери отсутствовал, то родство исключалось. Аналогично, если данные по отцу или матери вообще отсутствовали.



**Рисунок 2 – Определение генотипа животного, получившего аллели  
обоих родителей, на примере локуса SPS115**

Результаты STR-анализа вносились в форму «генетического сертификата животного».

В процессе работы методом ПЦР-ПДРФ анализа, исследован полиморфизм генов каппа-казеина (Rando et al., 1988) и бета-лактоглобулина (Strazalkowska et al., 2002) у быков-производителей и быкопроизводящих коров белорусской чёрно-пёстрой породы, содержащихся в СПК «Агрокомбинат Снов» и КСУП «ПЗ Красная звезда», Минской области.

Результаты генетико-популяционного анализа крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы обработаны статистически. Достоверность разницы определяли по критерию Стьюдента при трех уровнях значимости ( $P < 0,05$ ;  $P < 0,01$ ;  $P < 0,001$ ), используя при этом компьютерные программы Microsoft Excel, Minitab 14 Demo и SPSS.



## РЕЗУЛЬТАТЫ ИССЛЕДОВАНИЙ

### Полиморфизм STR-локусов популяции крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы

В ходе анализа генофонда исследованных групп животных крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы по 11 STR-локусам были получены данные, характеризующие полиморфизм каждого из маркеров (таблица 1).

Таблица 1 – Характеристика полиморфизма изученных STR-локусов крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы

STR-локус	Ср. число аллелей на локус (NV)	Уровень полиморфности (Ae)	Ожидаемая гетерозиготность (He)	Наблюдаемая гетерозиготность (Ho)	Индекс фиксации (Fis)	Величина информативной ценности (PIC)
BM1824	9,889	5,207	0,773	0,864	-0,138	0,710
BM2113	14,667	7,915	0,845	0,897	-0,067	0,817
ETH10	12,556	5,606	0,797	0,833	-0,056	0,749
ETH225	12,222	6,219	0,806	0,939	-0,179	0,763
ETH3	10,000	4,146	0,694	0,864	-0,288	0,580
INRA023	13,889	8,138	0,859	0,926	-0,083	0,836
SPS115	11,444	3,824	0,689	0,814	-0,208	0,579
TGLA122	16,333	6,543	0,783	0,905	-0,207	0,715
TGLA126	9,444	4,102	0,724	0,821	-0,215	0,640
TGLA227	16,222	9,553	0,879	0,980	-0,119	0,862
TGLA53	14,375	8,439	0,922	0,862	0,065	0,914
среднее	12,822	6,336	0,797	0,882	-0,136	0,742

Выявлено в среднем 12,822 аллелей в каждом из 11-ти изученных STR-локусов с частотой встречаемости 0,001–0,313. Средний показатель уровня полиморфности (Ae) составил 6,336. Учитывая, что уровень полиморфности, по сути, является показателем эффективно действующих в популяции аллелей, эта величина коррелирует с числом аллелей, выявленных в каждом из исследованных локусов (т.е. чем больше выявлено аллелей, тем больше уровень полиморфности). Среднее число аллелей на локус (NV) варьировало от 9,444 до 16,333 единиц.

В вопросах динамики генетического состава популяций важным параметром является гетерозиготность. Это генетическое явление, наблюдающееся у организмов, гомологичные хромосомы которых имеют разные формы (аллели) того или иного гена. Гетерозиготность возникает при слиянии разнокачественных гамет в гетерозиготу, широко распространена в природных популяциях и является одной из причин гетерозиса. Гетерозиготность играет положительную роль в адаптации популяций к изменяющимся условиям окружающей среды, а также в микроэволюционном процессе. Поэтому ее оценка в настоящее время необходима практически во всех популяционно-генетических исследованиях.

Степень наблюдаемой гетерозиготности ( $H_o$ ) является мерой генетической изменчивости в популяции. Частота гетерозигот – важный показатель, поскольку каждая гетерозигота несет разные аллели и иллюстрирует наличие изменчивости. Для точной оценки изменчивости популяции вводится показатель ожидаемой гетерозиготности ( $H_e$ ), рассматривающий уровень аллельного разнообразия. В этой связи, нами была дана оценка наблюдаемой и ожидаемой степени гетерозиготности, рассчитанная по 11 STR-локусам.

В отношении значений ожидаемого уровня гетерозиготности ( $H_e$ ) максимумом характеризовался локус TGLA53 (0,922), а минимальное значение отмечено в локусе SPS115 (0,689), в то время как наибольшей наблюдаемой гетерозиготностью ( $H_o$ ) характеризовался локус TGLA227 (0,980), а наименьшей – локус SPS115 (0,814).

Установить связь между индивидуумами отдельной популяции и популяцией в целом позволяет индекс фиксации ( $F_{is}$ ). Положительное значение индекса  $F_{is}$  означает нехватку гетерозигот в данной популяции, в то время как отрицательное значение индекса указывает на избыток гетерозигот. Анализ данного показателя индекса фиксации ( $F_{is}$ ) показал, что локус TGLA53 отличался смещением равновесия в сторону недостатка гетерозигот ( $F_{is}=0,065$ ). Во всех остальных случаях наблюдалась различная степень преобладания показателей наблюдаемой гетерозиготности ( $H_o$ ) над ожидаемой ( $H_e$ ), максимальная в локусе ETH3 ( $F_{is}=-0,288$ ).

В проведенных нами исследованиях было установлено, что все изученные STR-локусы имели величину информативной ценности ( $PI_C$ )>0,5, что указывает на их высокую информативность в качестве молекулярно-генетических маркеров для оценки достоверности происхождения животных.

На основании полученной характеристики аллельного разнообразия исследуемых STR-локусов можно сделать заключение, что все они являются удобным инструментом для решения практических задач, таких как установление отцовства и материнства, анализа генетических взаимоотношений между группами животных, а также поиска взаимосвязей аллельных вариантов микросателлитных локусов с продуктивными признаками животных.

### **Межгрупповая дифференциация крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы по STR-локусам**

В наших исследованиях была изучена межгрупповая дифференциация крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой по STR-локусам (таблица 2).

Анализ данных таблицы 2 показал, что изученные группы животных крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы различаются по наличию аллелей ( $N_a$ ) STR-локусов, уровню полиморфности ( $A_e$ ), показателям наблюдаемой ( $H_o$ ) и ожидаемой гетерозиготности ( $H_e$ ), а также индексу фиксации ( $F_{is}$ ).

Таблица 2 – Характеристика групп животных крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы по изученным STR- локусам

Группа животных	Кол-во (n)	Число аллелей (Na)	Приватные аллели (Pa)	Уровень полиморфности (Ae)	Наблюдаемая гетерозиготность (Ho)	Ожидаемая гетерозиготность (He)	Индекс фиксации (Fis)
КСУП «ПЗ «Красная звезда»	191	167	12	10,799	0,923	0,894	-0,034
СПК «Агрокомбинат Снов»	111	114	-	5,584	0,886	0,789	-0,149
ОАО «1-я Минская птицефабрика»	50	111	-	6,731	0,864	0,841	-0,086
СПК «Першай–2003»	42	75	1	4,550	0,870	0,742	-0,187
РСУП «Брестплемпредприятие»	40	96	-	6,269	0,859	0,778	-0,135
РСУП «Шикотовичи»	39	121	-	7,705	0,867	0,857	-0,019
ГУСП ПЗ «Мухавец»	25	108	-	6,778	0,909	0,834	-0,092
ОАО «Птицефабрика «Дружба»	10	62	-	4,134	0,882	0,709	-0,279
РУСП «Минское племпредприятие»	8	68	1	4,117	0,882	0,716	-0,264

Были выявлены специфические для определенной группы животных аллели – «приватные» аллели (Pa). Данный показатель рассматривается в качестве одного из критериев уникальности исследуемой группы животных и отсутствия интенсивного обмена между сравниваемыми группами животных. Чем больше приватных аллелей в группе, тем больше генетически изолированной она является, тем меньше происходит обмен генами между этой и другими сравниваемыми группами крупного рогатого скота.

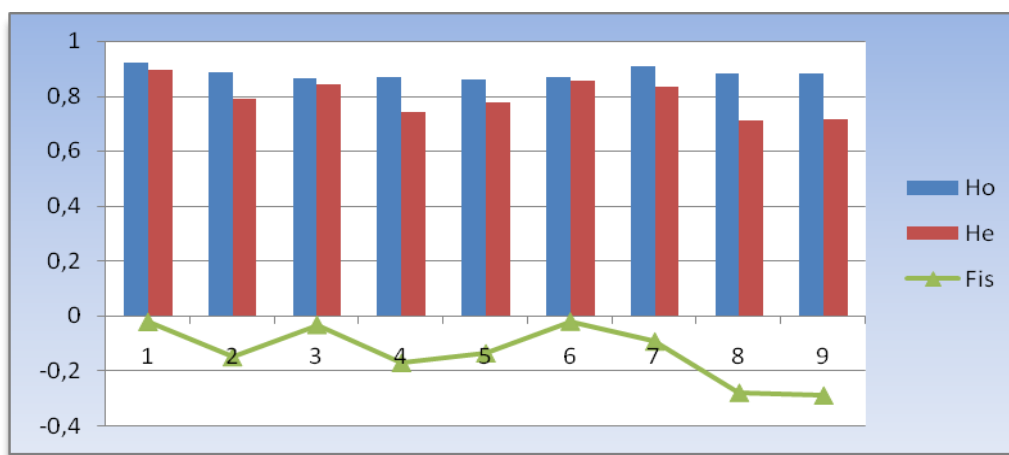
Двенадцать «приватных» аллелей обнаружено в группе животных черно-пестрой породы КСУП «ПЗ «Красная звезда»: 74, 96, 102, 108, 110, 111, 112, 169, 197, 198, 239, 259 п.н.; по одному – в СПК «Першай–2003» и РУСП «Минское племпредприятие», 70 и 169 п.н. соответственно. В остальных исследованных группах крупного рогатого скота черно-пестрой породы приватных аллелей выявлено не было, что свидетельствует об их меньшей генетической изоляции.

Самый широкий спектр аллелей (167 аллелей по 11 локусам), максимальное число «приватных» аллелей (12) и наибольший уровень полиморфности (10,799) были выявлены у исследованных животных КСУП «ПЗ «Красная звезда», в то время как самый узкий спектр аллелей (62), отсутствие «приватных» аллелей и наименьший уровень полиморфности (4,134) были выявлены у крупного рогатого скота, разводимого в ОАО «Птицефабрика «Дружба».

Анализ генетического разнообразия исследованных групп животных показал, что наблюдаемая степень гетерозиготности (Ho) варьировала от 0,859 (РСУП «Брестплемпредприятие») до 0,923 (КСУП «ПЗ «Красная звезда»). Показатели ожидаемой степени гетерозиготности (He) варьировали от 0,709 (ОАО

«Птицефабрика «Дружба») до 0,894 (КСУП «ПЗ «Красная звезда»). Следует отметить, что в группе крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы РСУП «Шикотовичи» наблюдалось равновесное распределение наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности, в то время как в группе животных ОАО «Птицефабрика «Дружба» и РУСП «Минское племпредприятие» показатель наблюдаемой гетерозиготности превышал показатель ожидаемой гетерозиготности на 17,3% и 16,6% соответственно.

Индекс фиксации (Fis) имел отрицательное значение во всех исследованных группах животных, что говорит о смещении генетического равновесия в данных группах в сторону избытка гетерозигот (рисунок 3).



**Рисунок 3 – Ожидаемая (He), наблюдаемая (Ho) гетерозиготность и индекс фиксации (Fis) в изученных группах крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы**

Примечание – 1 – КСУП «ПЗ «Красная звезда», 2 – СПК «Агрокомбинат Снов», 3 – ОАО «1-я Минская птицефабрика», 4 – СПК «Першай–2003», 5 – РСУП «Брестплемпредприятие», 6 – РСУП «Шикотовичи», 7 – ГУСП ПЗ «Мухавец», 8 – ОАО «Птицефабрика «Дружба», 9 – РУСП «Минское племпредприятие»

Таким образом, сравнительная оценка полиморфизма STR-локусов у крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы изученных групп животных показала, что каждая выборка имеет свою генетическую структуру с наличием или отсутствием «приватных» аллелей. В 7 из 9 изученных групп животных в локусе TGLA53 ожидаемая гетерозиготность превышала наблюдаемую на 0,9–23,4%, что привело к смещению равновесия в сторону недостатка гетерозигот.

В целом, по 11 локусам, во всех анализируемых группах животных соотношение ожидаемой и наблюдаемой гетерозиготности, а также показателя индекса фиксации (Fis), говорит об избытке гетерозигот в них и высоком «запасе» генетического разнообразия по STR-локусам. Выявленные генетические особенности крупного рогатого скота черно-пестрой породы, разводимого в Беларуси, дают дополнительную информацию для изучения их происхождения.

## **STR-локусы в контроле происхождения потомков крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы**

Контроль за происхождением животных – обязательное условие для ведения селекционной работы. Согласно закону Республики Беларусь от 20.05.2013 №24-З «О племенном деле в животноводстве» быки-производители и ремонтные бычки подвергаются обязательной генетической экспертизе.

Эффективность контроля достоверности происхождения определяется рядом факторов. Одним из них является число аллелей в локусе, характерное для каждой из исследованных групп животных и являющееся показателем информативности локусов в качестве маркеров установления происхождения.

В ходе проведенных исследований нами были рассчитаны величины эффективности контроля происхождения для отдельных локусов и в целом по выборке по Джемисону. Эффективность контроля происхождения по 5-ти STR-локусам составила 0,99019, по 9-ти STR-локусам – 0,99973, а по 11 STR-локусам – 0,99999, что наиболее точно, поэтому для оценки достоверности происхождения крупного рогатого скота черно-пестрой породы рекомендуем применять панель из 11 STR-локусов, что повышает эффективность контроля до 99,999%.

Следует отметить, что одним из элементов, проводимой селекционно-племенной работы в стадах крупного рогатого скота, является систематический контроль достоверности происхождения племенного молодняка.

На основе разработанной импортозамещающей системы нами проведена оценка достоверности происхождения 249 ремонтных бычков крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы по 11 STR-локусам. Установлено, что родство потомков крупного рогатого скота изучаемой породы подтвердилось в 79,5% случаев и не подтвердилось в 20,5% случаев.

Таким образом, контроль достоверности происхождения животных способствует целенаправленности селекции, повышению ее эффективности и сокращению потерь, возникающих в результате ошибок при оценке животного. Систематическое тестирование всего поголовья крупного рогатого скота создаст реальную основу для внедрения генетического мониторинга и других методов маркер-вспомогательной селекции в практику животноводства.

### **Ассоциация полиморфизма STR-локусов и генов белковомолочности с признаками молочной продуктивности крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы**

Проведено сопоставление частот встречаемости исследованных аллелей STR-локусов быкопроизводящих коров СПК «Агрокомбинат Снов» и КСУП «ПЗ «Красная звезда» со средними данными по племенному ядру.

Выявлено, что у быкопроизводящих коров белорусской черно-пестрой породы с наличием в геноме аллельных вариантов: 174, 179, 181, 189 и 197 локуса BM1824; 113 и 121 локуса ETH3; 142, 152, 159 и 160 локуса TGLA122; 135, 160 и 161 локуса ETH225; 224 и 231 локуса ETH10; 130 и 143 локуса

BM2113; 90, 91, и 107 локуса TGLA227; 151, 160, 163, 169 и 184 локуса TGLA53; 199, 200, 207 и 226 локуса INRA023; 118 локуса TGLA126; 251 локуса SPS115 уровень молочной продуктивности, жирномолочность и содержание белка в молоке выше на 4,8–7,3%, 0,04–0,05 п.п. и 0,02–0,03 п.п. соответственно.

Чтобы выяснить, какие генотипы по генам-маркерам молочной продуктивности имеют быкопроизводящие коровы исследуемой породы, содержащиеся в КСУП «ПЗ Красная звезда» (n=53) и СПК «Агрокомбинат Снов» (n=47), с наличием в геноме аллельных вариантов STR-локусов, чаще встречающихся в группе скота с высоким уровнем молочной продуктивности, мы протестировали их по генам каппа-казеина (CSN3) и бета-лактоглобулина (BLG) (таблица 3).

Таблица 3 – Молочная продуктивность коров белорусской черно-пестрой породы КСУП «ПЗ Красная звезда» и СПК «Агрокомбинат Снов»

Ген	Генотип	Удой, кг	Жир, %	Белок, %
КСУП «ПЗ Красная звезда»				
CSN3	CSN3 <sup>AA</sup>	9875±96,1	4,37±0,01	3,26±0,04
	CSN3 <sup>AB</sup>	11235±101,3***	4,49±0,20	3,26±0,05
BLG	BLG <sup>BB</sup>	10854±119,6***	4,50±0,15	3,31±0,07
	BLG <sup>AB</sup>	9668±96,6	4,32±0,10	3,22±0,02
СПК «Агрокомбинат Снов»				
CSN3	CSN3 <sup>AA</sup>	10558±151,3	3,99±0,05	3,14±0,02
	CSN3 <sup>AB</sup>	12053±191,4***	3,99±0,12	3,25±0,02**
BLG	BLG <sup>BB</sup>	11823±133,3***	3,98±0,08	3,32±0,03**
	BLG <sup>AB</sup>	10155±139,6	4,00±0,06	3,18±0,03

Проведенные исследования показали, что животные, унаследовавшие в своем геноме аллельные варианты по STR-локусам, чаще встречающиеся в группе скота с высоким уровнем молочной продуктивности, имели предпочтительные генотипы по генам CSN3<sup>AB</sup> и BLG<sup>BB</sup>, которые проявили превосходство по удою, жирномолочности и белкомолочности по сравнению с животными других генотипов на 10,9–14,1% (P<0,001), 0,12–0,18 п.п. и 0,09–0,14 п.п. (P<0,01) соответственно.

Кроме того нами изучены показатели молочной продуктивности дочерей быков-производителей различной линейной принадлежности, протестированных по генам каппа-казеина (CSN3) и бета-лактоглобулина (BLG) в СПК «Агрокомбинат Снов» и КСУП «ПЗ Красная звезда», так как по законам наследственности каждая дочь быка несет образец половины его генов.

Следует отметить, что дочери быков-производителей в СПК «Агрокомбинат Снов», принадлежащих линиям Вис Айдиал 933122, Рефлексн Соверинг 198998, имеющие генотип ВВ по генам BLG и CSN3, по удою, жирномолочности, количеству молочного жира и белка превышали дочерей быков-про-

изводителей линии Монтвик Чифтейн 95679 на 5,0–6,4% ( $P < 0,05$ ), 0,1 п.п. ( $P < 0,05$ ), 5,9–7,4% ( $P < 0,01$ ) и 4,8–7,6% ( $P < 0,01–0,001$ ) соответственно. По белковомолочности существенных различий между дочерьми быков-производителей различной линейной принадлежности не выявлено ( $P > 0,05$ ).

Анализ показателей продуктивности дочерей быков-производителей КСУП «ПЗ Красная звезда», принадлежащих к исследуемым линиям, свидетельствует о том, что лучше всех зарекомендовали себя животные линий Вис Айдиал 933122 и Рефлекшн Соверинг 198998, имеющие генотип ВВ по генам BLG и CSN3, которые по удою, жирномолочности, содержанию молочного жира и молочного белка превышали показатели коров линии Монтвик Чифтейн 95679 на 3,7–4,8%, 0,1 п.п., 5,4–6,3% ( $P < 0,05$ ) и 5,68–5,7% соответственно. По белковомолочности достоверных различий не выявлено ( $P > 0,05$ ).

Таким образом, проведенные исследования показали, что животные, унаследовавшие в своем геноме аллельные варианты по STR-локусам (174, 179, 181, 189 и 197 локуса BM1824; 113 и 121 локуса ETH3; 142, 152, 159 и 160 локуса TGLA122; 135, 160 и 161 локуса ETH225; 224 и 231 локуса ETH10; 130 и 143 локуса BM2113; 90, 91, и 107 локуса TGLA227; 151, 160, 163, 169 и 184 локуса TGLA53; 199, 200, 207 и 226 локуса INRA023; 118 локуса TGLA126; 251 локуса SPS115), имели предпочтительные генотипы по генам CSN3<sup>AB</sup> и BLG<sup>BB</sup>, которые проявили превосходство по удою, жирномолочности и содержанию белка в молоке по сравнению с животными других генотипов на 4,8–14,1%, 0,04–0,18 п.п. и 0,02–0,14 п.п. соответственно. А изучение ассоциации показателей молочной продуктивности дочерей быков-производителей различной линейной принадлежности по генам BLG и CSN3 свидетельствует о том, что дочери быков-производителей, имеющих генотипы BLG<sup>BB</sup> и CSN3<sup>BB</sup> имели существенное превосходство по удою, жирномолочности, количеству молочного жира и молочного белка над дочерьми быков-производителей, имеющих генотипы BLG<sup>AA</sup>, CSN3<sup>AA</sup> и BLG<sup>AB</sup>, CSN3<sup>AB</sup> на 3,7–30,4%, 0,01–0,4 п.п., 5,4–34,0% и 3,8–36,7% соответственно. По основным показателям молочной продуктивности существенное превосходство имели дочери быков, принадлежащих к линиям Вис Айдиал 933122 и Рефлекшн Соверинг 198998.

### **Эффективность использования импортозамещающей системы оценки достоверности происхождения потомков крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы**

Одним из основных критериев проведения тестирования достоверности происхождения племенных животных, является эффективность использования данного метода. Нами была проведена оценка эффективности использования разработанной нами импортозамещающей системы установления происхождения потомков крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы (таблица 4), в ценах на 01.12.2011 г.

Таблица 4 – Эффективность применения импортозамещающей системы оценки достоверности происхождения потомков крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы (одного тестирования)

Импортозамещающая система			Набор «The StockMarks for Cattle Bovine»		
Наименование компонентов	Кол-во	Сумма, руб.	Наименование компонентов	Кол-во	Сумма, руб.
Выделение ДНК		1514	Выделение ДНК		1514
ПЦР			ПЦР-набор		
Праймеры (ОДО «Праймтех»)	0,3 о.е	7195	Amplification primer mix	5,5 мкл	100000
Тaq-полимераза (ОДО «Праймтех»)	1 U	100	AmpliTaq Gold DNA Pol- ymerase	0,5 мкл	
dNTPs	3 мкл	612	dNTP mix	4 мкл	
10 x буфер (с KCL)	3 мкл	434	StockMarks PCR Buffer	3 мкл	
Малоценные реактивы		187			
Расходные материалы		479	Расходные материалы		479
Генотипирование		8081	Генотипирование		8081
Остальные затраты		44398	Остальные затраты		44398
Итого:		63000	Итого:		154472

Стоимость одного тестирования проведения генетической экспертизы крупного рогатого скота исследуемой породы составила 63 тыс. белорусских рублей, что в 2,4 раза дешевле по сравнению с использованием запатентованного коммерческого набора «The StockMarks for Cattle Bovine», предлагаемого фирмой Applied Biosystems. Таким образом, проведение генетической экспертизы 1000 животных с помощью разработанной отечественной тест системы позволяет сэкономить около 91,5 млн. рублей.

Результаты расчетов показали, что сумма одного тестирования для проведения генетической экспертизы крупного рогатого скота исследуемой породы по разработанной нами импортозамещающей системе оказалась равной 0,6% от стоимости реализуемой племенной продукции (11 225,240 тыс. рублей/гол), в то время как цена одного ДНК-теста коммерческим набором составила соответственно 1,4% или на 0,8 п.п. выше, чем предлагаемая.

Проведенная в наших исследованиях оценка достоверности происхождения потомков показала, что процент исключения родства исследованных животных составил 20,5%. Это привело к экономии средств при племпродаже, что в денежном выражении эквивалентно 2 222 597,5 тыс. рублей.

Кроме того, полученные затраты на генотипирование одного животного белорусской черно-пестрой породы сопоставимы с затратами на приобретение иммуноспецифических сывороток на одну тестдозу.

Таким образом, разработанная импортозамещающая система контроля происхождения потомков по STR-локусам демонстрирует преимущество перед запатентованной технологией и традиционными иммуногенетическими маркерами, так как позволяет снизить затраты на генотипирование в 2,4 раза, имеет сопоставимую цену, меньшую трудоемкость, высокую точность (99,999%),



производительность, возможность практически полной автоматизации и компьютеризации результатов исследований.

## ЗАКЛЮЧЕНИЕ

### Основные научные результаты диссертации

1. Впервые в Республике Беларусь разработана, внедрена и научно обоснована импортозамещающая система применения 11 STR-локусов в оценке достоверности происхождения потомков крупного рогатого скота черно-пестрой породы с использованием отечественных реактивов, позволяющая с точностью 99,999% достичь уровня достоверности происхождения высокоценных племенных животных и исключить покупку импортных дорогостоящих наборов [10, 19, 20].

2. Изучен полиморфизм STR-локусов, используемых при установлении происхождения белорусского черно-пестрого крупного рогатого скота. Выявлено в среднем 12,922 аллелей в каждом из 11-ти изученных STR-локусов с частотой встречаемости 0,001–0,313, в которых значение ожидаемого уровня гетерозиготности ( $H_e$ ) варьировало от 0,689 (локус SPS115) до 0,922 (локус TGLA53), в то время как наблюдаемая гетерозиготность ( $H_o$ ) варьировала от 0,814 (локус SPS115) до 0,980 (локус TGLA227) [4, 7, 8].

3. Определены особенности генетической дифференциации поголовья крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы в сравнительном исследовании девяти групп животных. Установлено, что каждая из этих групп имеет свою генетическую структуру с наличием или отсутствием «приватных» аллелей. Причем, локус TGLA126 характеризовался наименьшим числом аллелей, а локус TGLA122 – наибольшим. В 7 из 9 изученных групп животных в локусе TGLA53 ожидаемая гетерозиготность превышала наблюдаемую на 0,9–23,4%, что привело к смещению равновесия в сторону недостатка гетерозигот. Но в целом, по 11 локусам, во всех анализируемых группах животных соотношение ожидаемой и наблюдаемой гетерозиготности, а также показателя индекса фиксации ( $F_{is}$ ), свидетельствует об избытке гетерозигот в них и высоком «запасе» генетического разнообразия по STR-локусам [1, 2, 3, 11, 12, 13, 14, 16, 17, 18].

4. Для оценки достоверности происхождения потомков крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы необходимо применять панель из 11 STR-локусов, что повышает эффективность контроля до 99,999%. Выявлено, что при использовании 5-ти STR-локусов эффективность контроля происхождения животных составляет 0,99019, при использовании 9-ти STR-локусов – 0,99973, а при использовании 11 STR-локусов – 0,99999. Установлена достоверность происхождения 249 ремонтных бычков крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы по 11 STR-локусам, согласно разработанной импортозамещающей системе, процент исключения родства в исследуемой группе составил 20,5% [9].

5. Ассоциация STR-локусов и генов белковомолочности быкопроизводящих коров белорусской черно-пестрой породы с хозяйственно-полезными признаками обеспечивает увеличение удоя на 4,8–14,1%, жирномолочности на 0,04–0,18 п.п. и белковомолочности на 0,02–0,14 п.п. Установлено, что дочери быков-производителей различной линейной принадлежности, имеющие генотипы  $BLG^{BB}$  и  $CSN3^{BB}$ , по удою, жирномолочности, количеству молочного жира и белка превосходили дочерей быков генотипов  $BLG^{AA}$  и  $CSN3^{AA}$ ,  $BLG^{AB}$  и  $CSN3^{AB}$  на 3,7–30,4%, 0,01–0,4 п.п., 5,4–34,0% и 3,8–36,7% соответственно [5, 6].

6. Использование импортозамещающей системы установления происхождения потомков крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы по STR-локусам, позволяет снизить затраты на генотипирование животных в 2,4 раза, что в денежном эквиваленте экономит около 91,5 млн. рублей в расчете на 1000 голов. Цена одного тестирования при проведении генетической экспертизы составила 0,6% от стоимости реализуемой племенной продукции, что меньше на 0,8 п.п., в сравнении с коммерческим набором (в ценах 01.12.2011 г.) [6, 15].

### **Рекомендации по практическому использованию результатов**

1. Для оценки достоверности происхождения крупного рогатого скота черно-пестрой породы необходимо применять панель из 11 STR-локусов, что повышает эффективность контроля до 99,999%.

2. «Методические рекомендации по проведению оценки достоверности происхождения крупного рогатого скота по полиморфизму нуклеотидных последовательностей ДНК» (метод. рекомендации: утв. на НТС Минсельхозпрода 03.03.2011г. / Епишко Т.И., Епишко О.А., Глинская Н.А., Дубенецкая О.М., Мостовой Д.Е., Сергиеня Т.В. – Пинск, 2011. – 20 с.).

3. Практические рекомендации «Технология проведения оценки достоверности происхождения крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы по STR-локусам» (метод. рекомендации: утв. на НТС Минсельхозпрода 17. 07.2014г. / Пестис В.К., Шейко Р. И., Епишко Т.И., Епишко О.А., Танана Л.А., П.З. Каштелян, Глинская Н.А., Пешко В.В., Трахимчик Р.В – Гродно, 2014. – 33 с.).

## **СПИСОК ПУБЛИКАЦИЙ СОИСКАТЕЛЯ ПО ТЕМЕ ДИССЕРТАЦИИ**

### **Статьи в изданиях, входящих в перечень ВАК**

1. Генетико-популяционный анализ крупного рогатого скота черно-пестрой породы по микросателлитам ДНК / **Н.А. Глинская**, Т.И. Епишко, О.А. Епишко, Л.А. Танана // Сельское хозяйство – проблемы и перспективы: сб. науч. тр. / Учреждение образования "Гродн. гос. аграр. ун-т". – Гродно, 2012. – Т. 18 : Зоотехния. – С. 35–41.

2. **Глинская, Н.А.** Анализ генетической дифференциации популяций крупного рогатого скота черно-пестрой породы белорусской селекции по STR-локусам / **Н.А. Глинская** // Весн. Палес. дзярж. ун-та. Сер. прыродазн. навук. – 2013. – № 2. – С. 21–26.

3. **Глинская, Н.А.** Межпопуляционная дифференциация по микросателлитам ДНК крупного рогатого скота черно-пестрой породы / **Н.А. Глинская** // Сельское хозяйство – проблемы и перспективы: сб. науч. тр. / Учреждение образования "Гродн. гос. аграр. ун-т". – Гродно, 2013. – Т. 21: Зоотехния. – С. 12–17.

4. **Глинская, Н.А.** Характеристика полиморфизма изученных STR-локусов крупного рогатого скота черно-пестрой породы / **Н.А. Глинская**, Л.А. Танана, О.А. Епишко // Сельское хозяйство – проблемы и перспективы: сб. науч. тр. / Учреждение образования "Гродн. гос. аграр. ун-т". – Гродно, 2013. – Т. 21 : Зоотехния. – С. 18–24.

5. Епишко О.А. Ассоциация STR-локусов крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы с признаками молочной продуктивности / О.А. Епишко, Л.А. Танана, **Н.А. Глинская** // Сельское хозяйство – проблемы и перспективы: сб. науч. тр. / Учреждение образования "Гродн. гос. аграр. ун-т". – Гродно, 2014. – Т. 26 : Зоотехния. – С. 86–92.

6. Танана, Л.А. Ассоциация показателей молочной продуктивности дочерей быков-производителей различной линейной принадлежности по генам BLG и CSN3 / Л.А. Танана, О.А. Епишко, **Н.А. Глинская** // Сельское хозяйство – проблемы и перспективы: сб. науч. тр. / Учреждение образования "Гродн. гос. аграр. ун-т". – Гродно, 2014. – Т. 26: Зоотехния. – С. 292–296.

### Материалы конференций

7. **Глинская, Н.А.** Изучение полиморфизма 11 микросателлитных локусов крупного рогатого скота черно-пестрой породы / **Н.А. Глинская**, О.А. Епишко // Устойчивое развитие экономики: состояние, проблемы, перспективы: сб. тр. VI Междунар. науч.-практ. конф., Полес.гос. ун-т, г. Пинск, 20–22 мая 2010 г.: в 2 ч. / Нац. банк Респ. Беларусь [и др.]; редкол.: К.К. Шебеко [и др.]. – Пинск, 2010.–Ч.2. – С. 165–166.

8. Епишко, О.А. Полиморфизм популяции крупного рогатого скота по микросателлитным локусам TGLA227, BM2113, TGLA53, ETH10, SPS115, TGLA126, TGLA122, INRA023, ETH3, ETH225, BM1824 / О.А. Епишко, **Н.А. Глинская** // Современные технологии сельскохозяйственного производства : материалы XIII Междунар. науч.-практ. конф.: в 2 т. / Учреждение образования "Гродн. гос. аграр. ун-т". – Гродно, 2010. – Т. 2 : Зоотехния. Ветеринария. Технология хранения и переработки. Общественные науки. – С. 45–46.

9. **Глинская, Н.А.** Использование микросателлитных маркеров ДНК в контроле происхождения крупного рогатого скота / **Н.А. Глинская**, О.М. Дубенецкая // Современные технологии сельскохозяйственного производства : материалы XIV Междунар. науч.-практ. конф.: в 2 ч. / Учреждение образования "Гродн. гос. аграр. ун-т". – Гродно, 2011. – Ч. 2: Зоотехния, ветеринария, техно-

логия хранения и переработки. – С. 22–24.

10. Метод оценки достоверности происхождения крупного рогатого скота по полиморфизму нуклеотидных последовательностей ДНК / О.А. Епишко, Т.И. Епишко, **Н.А. Глинская**, О.М. Дубенецкая // Актуальные проблемы интенсивного развития животноводства: материалы XIV Междунар. науч.-практ. конф. / Учреждение образования "Белорус. гос. с.-х. акад."; редкол.: А.П. Курдеко [и др.]. – Горки, 2011. – С. 42–49.

11. Генетико-популяционный анализ крупного рогатого скота по микросателлитным локусам / О.А. Епишко, Т.И. Епишко, Л.А. Танана, **Н.А. Глинская** // Генетика и биотехнология 21 века: проблемы, достижения, перспективы: материалы Междунар. науч. конф., 8–11 окт. 2012 г., г. Минск / Нац. акад. наук Беларуси, Ин-т генетики и цитологии НАН Беларуси; [редкол.: А.В. Кильчевский и др.]. – Минск, 2012. – С. 130.

12. **Глинская, Н.А.** Популяционно-генетические характеристики крупного рогатого скота черно-пестрой породы по STR-локусам / **Н.А. Глинская**, Т.И. Епишко, О.А. Епишко // Современные технологии сельскохозяйственного производства: материалы XV Междунар. науч.-практ. конф. (Гродно, 18 мая 2012 г.) / Учреждение образования "Гродн. гос. аграр. ун-т". – Гродно, 2012. – Ч. 1: Агронмия. Защита растений. Зоотехния. Ветеринария. – С. 197–198.

13. Епишко, О.А. Генетико-популяционный анализ крупного рогатого скота Беларуси / О.А. Епишко, **Н.А. Глинская** // Практико-ориентированные биотехнологические исследования в растениеводстве, животноводстве и медицине: сб. материалов Междунар. науч.-практ. конф., Брест, 27–28 июня 2013 г. / Учреждение образования "Брест. гос. ун-т им.А.С. Пушкина"; ред.: В.И. Бойко (гл. ред.), Н.М. Матусевич, Н.В. Шкуратова. – Брест, 2013. – С. 13–16.

14. Епишко, О.А. Внутрипородная дифференциация по микросателлитным локусам ДНК крупного рогатого скота черно-пестрой породы Республики Беларусь / О.А. Епишко, **Н.А. Глинская** // Новые времена: новые Вавиловы, новые Квасницкие: материалы Междунар. молодеж. науч. конф., Полтава, 22–23 авг. 2013 г./ Ин-т свиноводства и АПВ НААН Украины. – Полтава, 2013. – С. 29–30.

### Другие научные публикации

15. Оценка достоверности происхождения популяций крупного рогатого скота по полиморфизму микросателлитных локусов / О.А. Епишко, Т.И. Епишко, Л.А. Танана, **Н.А. Глинская** // Экологические и селекционные проблемы племенного животноводства: науч. тр. / Брян.гос. с.-х. акад.; под ред. Е.Я. Лебедько. – Брянск, 2010. – Вып. 6. – С. 19–20.

16. Епишко, О.А. Анализ генетической изменчивости популяций черно-пестрого крупного рогатого скота по STR-локусам / О.А. Епишко, Т.И. Епишко, **Н.А. Глинская** // Достижения и перспективы в животноводстве, биотехнологии и ветеринарной медицине: сб. тр. Междунар. науч. симп. / Акад. наук Молдовы [и др.]. – Молдова, Максимовка, 2011. – С.362–365.

17. **Глинская, Н.А.** Популяционно-генетические характеристики молочного скота черно-пестрой породы по STR-локусам / **Н.А. Глинская**, О.А. Епишко, Т.И. Епишко // Научные основы повышения продуктивности сельскохозяйственных животных: сб. науч. тр. 5-й Междунар. науч.-практ. конф. / Сев.-Кавк. науч.-исслед. ин-т животноводства. – Краснодар, 2012. – Ч.1. – С. 11–12.

18. **Глинская, Н.А.** Анализ генетического разнообразия популяций черно-пестрого крупного рогатого скота по STR-локусам / **Н.А. Глинская**, Т.И. Епишко, О.А. Епишко // Актуальные проблемы сельскохозяйственной биотехнологии: сб. науч. тр. / Нац. банк Респ. Беларусь, Учреждение образования "Полес. гос. ун-т"; [редкол.: Т.И. Епишко (отв. ред.) и др.]. – Пинск, 2012. – С. 21–25.

19. Методические рекомендации по проведению оценки достоверности происхождения крупного рогатого скота по полиморфизму нуклеотидных последовательностей ДНК: метод. рекомендации: утв. на НТС Минсельхозпрода 03.03.2011 г. / Т.И. Епишко, О.А. Епишко, **Н.А. Глинская**, О.М. Дубенецкая, Д.Е. Мостовой, Т.В. Сергиеня. – Пинск, 2011. – 20 с.

20. Технология проведения оценки достоверности происхождения крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы по STR-локусам: метод. рекомендации: утв. на НТС Минсельхозпрода 17.07.2014 / В.К.Пестис, Р.И. Шейко, Т.И.Епишко, О.А. Епишко, Л.А.Танана, П.З. Каштелян, **Н.А. Глинская**, В.В.Пешко, Р.В.Трахимчик. – Гродно, 2014. – 33 с.

## РЭЗІЮМЭ

Глінская Наталля Анатольеўна

STR-палімарфізм генафонду беларускай чорна-пярэстай пароды і яго выкарыстанне ў селекцыі

**Ключавыя словы:** алель, генатып, гетаразіготнасць, буйная рагатая жывёла, STR-локус, палімарфізм.

**Мэта даследаванняў:** распрацаваць тэхналогію ацэнкі дакладнасці паходжання жывёл на аснове вывучэння STR-палімарфізму генафонду буйной рагатой жывёлы беларускай чорна-пярэстай пароды.

**Метады даследаванняў:** малекулярна-генетычныя, біяхімічныя, генетыка-статыстычныя, заатэхнічныя.

**Атрыманыя вынікі і іх навізна.** Упершыню ў Рэспубліцы Беларусь распрацавана тэхналогія ацэнкі дакладнасці паходжання буйной рагатой жывёлы, якая дазваляе дасягнуць ўзроўню дакладнасці паходжання жывёл да 99,999%, выключыць пакупку дарагіх набораў і знізіць выдаткі на генатыпіраванне; правесці генетыка-папуляцыйны аналіз, межгрупавую дыферэнцыяцыю, не дапусціць да ўдзелу ў селекцыйным працэсе жывёл, якія не адпавядаюць па сваіх генетычных характарыстыках селекцыйным патрабаванням, што ў значнай ступені будзе спрыяць інтэнсіфікацыі працэсу племянной жывёлагадоўлі.

**Рэкамендацыі вытворчасці.** Прапануем для ацэнкі дакладнасці паходжання буйной рагатой жывёлы чорна-пярэстай пароды ўжываць панэль з 11 STR-локусаў, што павышае эфектыўнасць кантролю практычна да 100%.

**Галіна выкарыстання:** племянныя сельскагаспадарчыя арганізацыі, якія займаюцца ўдасканаленнем буйной рагатой жывёлы, установы адукацыі, якія забяспечваюць атрыманне вышэйшай і сярэдняй спецыяльнай адукацыі па зоваветэрынарным спецыяльнасцях.

## РЕЗЮМЕ

Глинская Наталья Анатольевна

STR-полиморфизм генофонда белорусской черно-пестрой породы и его использование в селекции

**Ключевые слова:** аллель, генотип, гетерозиготность, крупный рогатый скот, STR-локусы, полиморфизм.

**Цель исследований:** разработать технологию оценки достоверности происхождения животных на основе изучения STR-полиморфизма генофонда крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы.

**Методы исследований:** молекулярно-генетические, биохимические, генетико-статистические, зоотехнические.

**Полученные результаты и их новизна.** Впервые в Республике Беларусь разработана система оценки достоверности происхождения крупного рогатого скота, позволяющая достичь уровня достоверности происхождения животных до 99,999%, исключить покупку дорогостоящих наборов и снизить затраты на генотипирование; провести генетико-популяционный анализ, межгрупповую дифференциацию, не допустить к участию в селекционном процессе животных, не соответствующих по своим генетическим характеристикам селекционным требованиям, что в значительной степени будет способствовать интенсификации процесса племенного животноводства.

**Рекомендации производству.** Предлагаем для оценки достоверности происхождения крупного рогатого скота черно-пестрой породы применять панель из 11 STR-локусов, что повышает эффективность контроля практически до 100%.

**Область применения:** племенные сельскохозяйственные организации, занимающиеся совершенствованием крупного рогатого скота, учреждения образования, обеспечивающие получение высшего и среднего специального образования по зооветеринарным специальностям.

## SUMMARY

Glinskaya Natalya Anatolyevna

STR polymorphism of genes of Belarusian White-and-Black cattle and its use in selection

**Keywords:** allele, genotype, heterozygosity, cattle, STR-loci, polymorphism.

**The purpose of researches:** to develop the technology of an assessment of reliability of animals origin on the basis of STR polymorphism of genes of Belarusian White-and-Black cattle.

**Methods of researches:** molecular genetic, biochemical, genetic statistical, zootechnic.

**The received results and their novelty.** The technology of an assessment of reliability of cattle origin is first developed in the Republic of Belarus. It allows to reach the level of reliability of animals origin up to 99,999%, to exclude the purchase of expensive sets and to reduce costs of genotyping; to carry out the genetic-population analysis, intergroup differentiation, to prevent the participation in selection process of the animals who don't conform in their genetic characteristics to the requirements of selection, that will greatly promote the intensification of the livestock breeding process.

**Recommendations to production.** We suggest applying the panel which consists of 11 STR loci for an assessment of reliability of an origin of White-and-Black cattle; it increases monitoring efficiency almost up to 100%.

**Applicable scope:** the breeding agricultural organizations that are engaged in improvement of cattle, the establishments of education providing the higher and vocational secondary education on Veterinary specialties.



Издатель и полиграфическое исполнение:  
Учреждение образования  
«Гродненский государственный аграрный университет»  
ЛИ №02330/0548516 от 16.06.2009.  
Тираж 70 экз. Заказ \_\_\_\_\_  
Ул. Терешковой, 28, 230008, г. Гродно