

**ПОЛИМОРФИЗМ ГЕНА ГОРМОНА РОСТА У КУР  
И ПЕТУХОВ ОТЕЧЕСТВЕННОЙ СЕЛЕКЦИИ**

**Е.В. Халимончик<sup>1</sup>, О.А. Епишко<sup>2</sup>, Н.М. Юрага<sup>2</sup>, Е.С. Чебуранова<sup>2</sup>**

*<sup>1</sup>Гродненский государственный университет имени Янки Купалы, Гродно, Беларусь*

*<sup>2</sup>Гродненский государственный аграрный университет, Гродно, Беларусь*

К настоящему времени структура ДНК домашней курицы считается полностью расшифрованной. Существует несколько баз данных, где можно получить информацию об отдельных генах, структуре повторяющихся последовательностей, однонуклеотидных заменах и много другой полезной информации.

Открытие и последующее использование для анализа полиморфных ДНК-фрагментов, позволило получить данные о гетерогенности различных пород и популяций сельскохозяйственной птицы. На основе этих работ были сделаны выводы о происхождении разных групп кур, построены дендрограммы генетического сходства и определены генетические расстояния между популяциями.

Современные исследования направлены на поиск различных вариантов полиморфизма, которые могут оказаться связанными с хозяйственно-полезными признаками. У кур это особенно акту-

ально, поскольку для них характерна быстрая смена поколений. Это дает селекционеру шанс получить эффект селекции в течение незначительного времени, если вести отбор по генам-кандидатам важных признаков. К числу наиболее перспективного гена-кандидата в яичном птицеводстве относится ген гормона роста.

Гормон роста относится к классу пептидных гормонов с широким спектром регулируемых функций. Он принимает непосредственное участие в регуляции роста и дифференцировки различных типов тканей организма.

Ген гормона роста (GH), расположенный в 27-й хромосоме, содержит 5 экзонов, 4 интрона. Показано наличие различных SNP (G662A, T3094C, C3199T и т.д.) в разных участках гена (интроны, экзоны и т.д.). Выявлена связь аллельных вариантов с продуктивными признаками (яичная и мясная продуктивность). Отмечена позитивная корреляция SacI+ аллеля (4-й интрон) с показателями резистентности к болезни Марека, в свою очередь MspI полиморфизм в 1-м интроне связан с яичной продуктивностью птицы.

Целью настоящего исследования является изучение полиморфизма гена гормона роста (GH) у кур и петухов отечественной селекции с использованием молекулярно-генетической дифференциации.

Исследования проводились на базе отраслевой научно-исследовательской лаборатории «ДНК-технологий» Учреждения образования «Гродненский государственный аграрный университет».

Биологическим материалом для исследований служила кровь кур и петухов исходных линий яичных кур: K1, K3 и K4. Отобрано 241 проба крови от птицы. Кровь отбирали из гребня с помощью скарификатора на стерильную фильтровальную бумагу. Выделение ДНК осуществляли перхлоратным методом с двойной дополнительной очисткой.

Полиморфизм гена гормона роста (GH1) определяли по первому интрону с помощью рестрикционного анализа с использованием MspI.

Для амплификации участка гена GH1 использовали праймеры:

-5'-ATCCCCAGGCAAACATCCTC-3'

-5'-CCTCGACATCCAGCTCACAT-3'

ПЦР-программа: «горячий старт» - 4 минуты при 95°C; 31 цикл: денатурация при 94°C, отжиг 1 минута 45 сек. при 55°C, синтез - 1 минута при 72°C, достройка - 10 минут при 72°C.

Амплификацию гена GH проводили с использованием реакционной смеси объемом 20 мкл, содержащую 1xTaq-буфер, 0,2 mM dNTP's, 2 mM MgCL2, 500-1000 пМ каждого праймера, 0,05 е. а./мкл Taq-полимеразы, 1 ед. геномной ДНК.

Продукты рестрикции GH1 разделяли в 2,5% агарозном геле при 90 В в течение 60 мин.

В результате проведенных исследований по генотипированию кур и петухов отечественной селекции (n=140) установлено, что частота встречаемости аллеля GH<sup>A</sup> в среднем у петухов составила 0,825, у кур – 0,706, частота аллеля GH<sup>B</sup> петухов составила – 0,175, кур – 0,294 в зависимости от группы и кросса. При этом в популяции выявлено нарушение генетического равновесия (P<0,01) в сторону преобладания особей с аллелем GH<sup>A</sup> что связано с проведением преимущественной селекции птицы на увеличение яичной продуктивности.

Частота встречаемости генотипа GH<sup>AA</sup>, положительно ассоциированного с яичной продуктивностью, распределилась в зависимости от группы птицы от 30 до 100%. Гетерозиготный генотип АВ варьировал в диапазоне от 10 до 100%. Частота встречаемости генотипа GH<sup>BB</sup> в диапазоне от 0 до 60%, лишь в одной группе птицы наблюдалось высокое содержание нежелательного аллеля и составило 60%.

Таким образом, в результате исследований, определен достаточно высокий уровень полиморфизма гена гормона роста (GH) у кур и петухов отечественной селекции, подтверждающий проведение преимущественной селекции птицы на увеличение яичной продуктивности.

#### Список использованных источников

1. Kansaku N., Hiyama G., Sasanami T., Zadworny D. Prolactin and growth hormone in birds: protein structure, gene structure and genetic variation // J. Poultry Sci. – 2008. – 45. – P. 1–6.
2. Enayati B., Rahimi-Mianji G. Genomic growth hormone, growth hormone receptor and transforming growth factor  $\beta$ -3 gene polymorphism in breeder hens of Mazandaran native fowls // Afr. J. Biotechnol. – 2009. – 8, <sup>1</sup> 14. – P. 3154–3159.
3. Feng X.P., Kuhnlein U., Aggrey S.E., Gavora J.S., Zadworny D. Trait association of genetic markers in the growth hormone and the growth hormone receptor gene in a white Leghorn strain // Poultry Sci. – 1997. – 76. – P. 1770–1775.