

МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА
И ПРОДОВОЛЬСТВИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ

ГЛАВНОЕ УПРАВЛЕНИЕ ОБРАЗОВАНИЯ, НАУКИ И КАДРОВ

Учреждение образования
«БЕЛОРУССКАЯ ГОСУДАРСТВЕННАЯ
СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННАЯ АКАДЕМИЯ»

АКТУАЛЬНЫЕ ПРОБЛЕМЫ ИНТЕНСИВНОГО РАЗВИТИЯ ЖИВОТНОВОДСТВА

Сборник научных трудов

Выпуск 24

В двух частях

Часть 1

Горки
БГСХА
2021

УДК 631.151.2:636

ББК 65.325.2

А43

Редакционная коллегия:

В. В. Великанов (гл. редактор), Н. А. Садовов (зам. гл. редактора),
А. И. Портной (отв. за выпуск), Е. П. Савчиц (редактор научный),
Т. В. Серякова (редактор технический), И. С. Серяков, Г. Ф. Медведев,
Т. Ф. Перикова, А. В. Соляник, В. И. Буць, В. В. Малашко, Л. Н. Гамко, А. В. Гуцол,
Н. И. Сахацкий, Л. М. Хмельничий, М. Г. Чабаев, Б. В. Шелюто, А. Я. Райхман,
С. О. Турчанов.

Рецензенты:

доктор ветеринарных наук, профессор Г. Ф. Медведев
доктор сельскохозяйственных наук, профессор И. С. Серяков
доктор сельскохозяйственных наук, профессор Н. А. Садовов
кандидат сельскохозяйственных наук, доцент А. Я. Райхман
кандидат сельскохозяйственных наук, доцент С. О. Турчанов

Актуальные проблемы интенсивного развития животноводства: сборник
А43 научных трудов / гл. редактор В. В. Великанов. – Горки: БГСХА, 2021. – Вып. 24. – В
2 ч. – Ч. 1. – 280 с.

Представлены результаты исследований ученых Республики Беларусь, Российской Федерации, Украины, Латвии в области кормления, содержания, разведения, селекции и генетики животных, воспроизводства и биотехнологии, ветеринарной медицины, технологии производства, переработки и хранения продукции животноводства.

УДК 631.151.2:636

ББК 65.325.2

© УО «Белорусская государственная
сельскохозяйственная академия», 2021

АНАЛИЗ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ ЧИСТОПОРОДНОГО И ПОМЕСНОГО МОЛОДНЯКА БЕЛОРУССКОЙ МЯСНОЙ ПОРОДЫ ПО МАРКЕРНЫМ ГЕНАМ: ESR, PRLR, RYR1, H-FABP

Е. А. КАПШЕВИЧ

РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук
Беларуси по животноводству»,
г. Жодино, Республика Беларусь, 222163

(Поступила в редакцию 16.01.2021)

Использование классических методов селекции и разведения животных способствовало увеличению количественных и качественных показателей их продуктивности на 5 %, однако негативно отразилось на адаптационной способности особей. Решением данной проблемы – разработка, апробирование и активное внедрение методов геномной селекции, позволяющих совместно с современными технологическими решениями максимально повысить эффективность свиноводства.

Наша работа посвящена оценке генетической структуры чистопородного молодняка белорусской мясной породы и животных новых генераций, полученных путем вводного скрещивания свиноматок белорусской мясной породы с хряками породы ландрас по маркерным генам ESR, PRLR, RYR1, H-FABP. ДНК-тестирование свиноматок белорусской мясной породы проводилось в условиях СГЦ «Заднепровский» Витебской области.

Выявлен полиморфизм гена ESR, представленный двумя аллелями: ESR^A и ESR^B. Концентрация предпочтительного аллеля ESR^B составила 0,35, ESR^A – 0,65.

Частоты встречаемости генотипов и аллелей по гену PRLR распределились следующим образом: PRLR^{AA} – 22,5 %, PRLR^{AB} – 55,7 %, PRLR^{BB} – 21,8 %, PRLR^A – 0,49, PRLR^B – 0,51. Анализ фактического и теоретически ожидаемого распределения генотипов в популяции маток не выявил нарушения генетического равновесия. Частота встречаемости стрессустойчивого генотипа RYR1^{NN} у свиноматок новых линий составила 75 %.

При изучении влияния комплекса генов RYR1 и H-FABP на показатели мясной продуктивности откормочного молодняка белорусской мясной породы установлена положительная связь с рядом признаков. Наименьший показатель толщины шпика имели животные с генотипами RYR1^{Nn} H-FABP^{HH}, RYR1^{Nn} H-FABP^{Dd}, RYR1^{Nn} H-FABP^{dd} – 16,5–16,8 мм, наибольшее значение – 18,4 мм у молодняка с генотипом RYR1^{NN} H-FABP^{hh}.

Ключевые слова: свиньи, белорусская мясная порода, маркерные гены, селекционные стада, ESR, PRLR, RYR1, H-FABP.

The use of classical methods of selection and animal breeding contributed to an increase in the quantitative and qualitative indicators of their productivity by 5 %, but had a negative impact on the adaptive capacity of individuals. The solution to this problem is the development, testing and active implementation of genomic selection methods that, together with modern technological solutions, maximize the efficiency of pig breeding.

Our work is devoted to the evaluation of the genetic makeup of purebred store pigs of the Belarusian meat breed and new generations of animals obtained by admixture of sows of the Belarusian meat breed and boars of the Landrace breed via the use of marker genes ESR,

PRLR, RYR1, H-FABP. DNA testing of sows of the Belarusian meat breed was carried out at the hybrid breeding centre "Zadneprovsky", Vitebsk region.

The polymorphism of the ESR gene, represented by two alleles – ESRA and ESRB, was revealed. The concentration of the preferred ESRB allele was 0.35, that of ESRA – 0.65.

The frequency of genotypes and alleles for the PRLR gene was distributed as follows: PRLR – 22.5 %, PRLR – 55.7 %, PRLRWW – 21.8 %, PRLR – 0.49, PRLR – 0.51. Analysis of the actual and theoretically expected distribution of genotypes in the sow population did not reveal any disturbance of the genetic equilibrium. The frequency of the stress-resistant RYR1NN genotype in sows of the new lines was at 75 %.

When studying the effect of the RYR1 and H-FABP gene complex on the indicators of meat productivity of fattening young animals of the Belarusian meat breed, a positive relation with a number of traits was established. The lowest index of fat thickness was found in animals with RYR1Nn H-FABPHH, RYR1Nn H-FABPDd, RYR1Nn H-FABPdd genotypes – 16.5–16.8 mm, the highest value – 18.4 mm – in young animals with RYR1NNH-FABPhh genotype.

Key words: pigs, Belarusian meat breed, marker genes, breeding herds, ESR, PRLR, RYR1, H-FABP.

Введение. Практический и теоретический материал, накопленный в области селекционной работы в свиноводстве на сегодняшний день, свидетельствует о том, что использование классических методов селекции и разведения животных недостаточно для обеспечения высокого уровня продуктивности и качества продукции [5].

Использование традиционных методов селекции на протяжении последних десятилетий способствовало увеличению количественных и качественных показателей продуктивности животных до 5 %, но вместе с этим устойчивость их к наследственным и инфекционным заболеваниям снизилась, что негативно сказалось на адаптационной способности особей [1].

Лишь применение комплексного подхода, включающего в себя методы современной генетики, позволит обеспечить комфортные для животных условия среды и максимально повысить их производительность [2, 3]. Пристальное внимание необходимо уделять развитию, адаптации и рациональному использованию генетического потенциала хряков и свиноматок основных стад животных [8].

Признаки продуктивности животных зависят от двух типов факторов: генетических и негенетических (фенотипических). Использование традиционной селекции, базирующейся на фенотипических проявлениях признаков, часто способствует формированию неполноценного суждения о генетическом потенциале животного [7]. Выявление генов, в той или иной мере оказывающих влияние на хозяйственные признаки, т. е. селекция по генотипу направлена на анализ потенциала животного на ранних этапах развития, без учета изменчивости признаков под действием факторов внешней среды, что увеличивает результа-

тивность селекционной работы [4].

Одной из главных задач современной отечественной животноводческой науки является разработка, апробирование и активное внедрение методов геномной селекции, позволяющих, в коллаборации с современными технологическими решениями, максимально повысить эффективность свиноводства [4].

Селекционная работа с сельскохозяйственными животными в целом направлена на повышение их продуктивности. Использование ДНК-маркеров позволяет проводить оценку животных на уровне генотипа, без использования сложных математических вычислений генетического потенциала по проявлениям признака, что делает возможным оценку животных в довольно раннем возрасте вне зависимости от пола и, в свою очередь, ведет к принятию селекционных решений, сокращая затраты исследований [8].

Основная часть. Проведено ДНК-тестирование свиноматок белорусской мясной породы в СГЦ «Заднепровский» Витебской области по генам ESR, PRLR и RYR 1 (рис. 1).

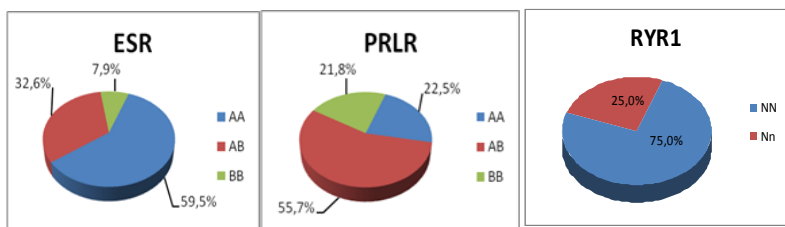


Рис. 1. Частота встречаемости генотипов генов ESR, PRLR и RYR 1

Выявлен полиморфизм гена ESR, представленный двумя аллелями: ESR^A и ESR^B . Идентифицированы генотипы: ESR^{AA} , ESR^{AB} и ESR^{BB} . Концентрация аллеля ESR^B составила 0,35, ESR^A – 0,65. Большинство животных имели генотип ESR^{AA} – 59,5%. Частоты встречаемости генотипов ESR^{AB} и ESR^{BB} составили 32,6 и 7,9 % соответственно.

Частоты встречаемости генотипов и аллелей по гену PRLR распределились следующим образом: $PRLR^{AA}$ – 22,5 %, $PRLR^{AB}$ – 55,7 %, $PRLR^{BB}$ – 21,8 %, $PRLR^A$ – 0,49, $PRLR^B$ – 0,51. Анализ фактического и теоретически ожидаемого распределения генотипов в популяции маток не выявил нарушения генетического равновесия. Частота встречаемости генотипа $RYR1^{NN}$ у свиноматок новых линий составила 75 %.

Проведено изучение комплексного влияния генотипов ESR и RYR1, RYR1 и H-FABP (аллельные системы H и D) на показатели

продуктивности животных. Анализ распределения частот генотипов ESR и RYR1 у свиноматок белорусской мясной породы позволил установить, что подавляющее большинство свиноматок имели генотип ESR^{AA}RYR1^{NN}, т. е. животные, носители аллеля ESR^A и свободные от стресса (рис. 2).

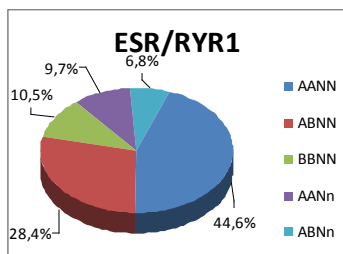


Рис. 2. Генетическая структура свиноматок белорусской мясной породы новых генераций по генам ESR и RYR1

Наилучшими показателями большинства репродуктивных признаков отличались животные генотипа ESR^{BB}RYR1^{NN}, более низкими – ESR^{AA}RYR1^{Nn} (табл. 1). Это связано с благоприятным действием аллеля ESR^B и отрицательным влиянием мутантного аллеля RYR1ⁿ на воспроизводительные качества животных.

Таблица 1. Продуктивность свиноматок новых генераций белорусской мясной породы различных генотипов по генам ESR и RYR1

Показатели	Генотипы				
	AANN	AANn	ABNN	ABNn	BBNN
Количество голов	27	7	17	4	6
Родилось поросят всего, гол.	11,8±0,2	10,8±0,2	11,4±0,3	11,6±0,5	12,0±0,5
В том числе живых, гол.	11,2±0,3	10,0±0,2	10,9±0,3	11,0±0,5	11,4±0,3
Масса гнезда при рождении, кг	16,8±0,2	14,0±0,4	16,4±0,5	15,4±0,6	16,0±0,3
Количество поросят в 21 день, гол.	10,0±0,1	9,9±0,1	10,0±0,1	9,8±0,3	10,3±0,2
Молочность, кг	57,7±0,5	57,5±0,8	58,3±0,4	56,2±0,7	58,0±0,6
Количество поросят при отъеме, гол.	9,8±0,2	8,8±0,1	9,6±0,2	9,7±0,2	10,0±0,2
Масса гнезда при отъеме, кг	178,2±1,4	170,4±2,6	177,6±1,8	178,1±4,0	182,3±3,5
Сохранность, %	87,5±1,4	88,0±1,4	88,1±1,2	88,2±4,2	87,7±2,2

У свиноматок генотипа ESR^{BB}RYR1^{NN} показатель многоплодия со-

ставил – 12,0 гол, в том числе живых – 11,4 гол. Превосходство над животными с генотипом $ESR^{AA}RYR1^{Nn}$ по данным показателям составило 11,1 %, или 1,2 гол., и 14 %, или 1,4 гол. соответственно.

Достоверные различия установлены по многоплодию между группами свиноматок генотипа $ESR^{AA}RYR1^{Nn}$ и $ESR^{AA}RYR1^{NN}$.

По массе гнезда при рождении выявлено преимущество у свиноматок генотипа $ESR^{AB}RYR1^{NN}$ и $ESR^{AA}RYR1^{NN}$, которые превосходили маток $ESR^{AA}RYR1^{Nn}$ на 17,1–20 %, или 2,4–2,8 кг.

Установлено, что свиноматки генотипа $ESR^{BB}RYR1^{NN}$ имели наибольшее количество поросят в 21 день – 10,3 гол., при этом они превосходили по данному показателю животных с генотипами $ESR^{AB}RYR1^{Nn}$, $ESR^{AA}RYR1^{Nn}$ – на 4–5,1 %.

По молочности, массе гнезда при отъеме и сохранности поросят статистически значимых различий между сравниваемыми группами свиноматок не установлено, но наблюдалась тенденция положительно влияния аллелей ESR^B и $RYR1^N$ на данные признаки.

Установлено, что наиболее благоприятным воздействием на репродуктивную функцию свиноматок оказывает комплексный генотип $ESR^{BB}RYR1^{NN}$, а наименее желательным для селекции на улучшение воспроизводительных качеств являются генотипы $ESR^{AA}RYR1^{Nn}$.

В результате анализа распределения частот комплексных генотипов $RYR1$ H-FABP у животных новых генотипов белорусской мясной породы установлено, что наибольший удельный вес занимают животные с генотипами: $RYR1^{NN}H$ -FABP^{HH}, $RYR1^{NN}H$ -FABP^{Hh}, $RYR1^{Nn}H$ -FABP^{HH}, $RYR1^{NN}H$ -FABP^{Dd}, и $RYR1^{Nn}H$ -FABP^{dd}, частоты встречаемости которых составили 53,8 %, 20,5, 20,5, 43,6 и 20,5 % соответственно (рис. 3).

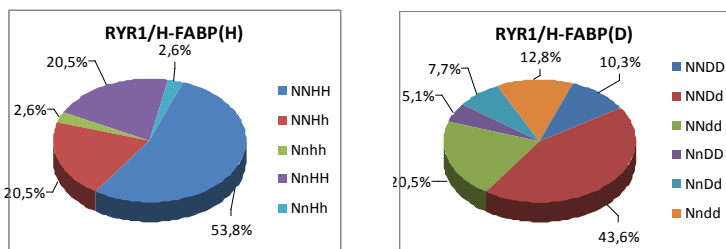


Рис. 3. Генетическая структура животных новых линий белорусской мясной породы по генам $RYR1$ и H-FABP (аллельная система H и D)

Установлено, что наиболее часто встречающимися комбинациями генотипов H-FABP (аллельная система H и D) с мутацией в гене $RYR1$

являются $\text{RYR1}^{\text{NnH-FABP}^{\text{HH}}} - 20,5\%$ и $\text{RYR1}^{\text{NnH-FABP}^{\text{dd}}} - 12,8\%$.

Изучение комплексного влияния генов RYR1 и H-FABP (аллельная система Н) на показатели откормочной продуктивности молодняка белорусской мясной породы новых линий выявило положительные ассоциации с рядом признаков (табл. 2).

Наиболее высокими показателями скорости роста характеризовались животные с комплексными генотипами $\text{RYR1}^{\text{NNH-FABP}^{\text{HH}}}$ и $\text{RYR1}^{\text{NNH-FABP}^{\text{dd}}}$, у которых показатели возраста достижения живой массы 100 кг были выше на 4,9 и 4,8 дней в сравнении с животными генотипов $\text{RYR1}^{\text{NNH-FABP}^{\text{Hh}}}$ и $\text{RYR1}^{\text{NNH-FABP}^{\text{Dd}}}$ соответственно.

У животных с генотипом $\text{RYR1}^{\text{NNH-FABP}^{\text{dd}}}$ установлено превосходство показателей энергии роста на 37 г в сравнении с подсвинками генотипа $\text{RYR1}^{\text{NNH-FABP}^{\text{Dd}}}$.

Таблица 2. Показатели откормочной продуктивности молодняка белорусской мясной породы новых линий различных генотипов по генам RYR1 и H-FABP

Генотип	Возраст достижения живой массы 100 кг, дней	Среднесуточный прирост, г	Затраты корма на 1 кг прироста, к. ед.
NNHH	180,3±1,4	787±4	3,31±0,04
NNHh	185,2±1,8	742±6	3,34±0,03
Nnhh	184,9±2,0	749±3	3,34±0,22
NnHh	182,0±1,6	772±7	3,33±0,02
NNDD	184,0±1,7	755±8	3,34±0,14
NNDd	183,2±1,2	765±10	3,33±0,07
NNdd	179,2±1,45	802±5	3,29±0,02
NnDd	181,6±1,8	776±4	3,32±0,01

При изучении комплексного влияния генов RYR1 и H-FABP (аллельные системы Н и D) на формирование признаков откормочной продуктивности установлено, что наиболее высокими показателями возраста достижения живой массы 100 кг и среднесуточного прироста отличались животные с генотипом $\text{RYR1}^{\text{NNH-FABP}^{\text{HH}}}$ и $\text{RYR1}^{\text{NNH-FABP}^{\text{dd}}} - 180,4$ дней и 788 г соответственно (табл. 3).

Таблица 3. Показатели откормочной продуктивности молодняка белорусской мясной породы различных генотипов по генам RYR1 и H-FABP

Генотип	Возраст достижения живой массы 100 кг, дней	Среднесуточный прирост, г	Затраты корма на 1 кг прироста, к. ед.
NNHHdd	180,4±1,6	788±6	3,31±0,06
NNHHdD	183,2±2,0	764±11	3,33±0,09
NNHhDD	184,6±1,3	750±9	3,34±0,02
NNHhDd	185,6±1,9	739±14	3,35±0,10
NnHhDd	181,2±1,8	775±4	3,32±0,08

Превосходство над аналогичными показателями сверстников генотипа $\text{RYR1}^{\text{NN}}\text{H-FABP}^{\text{Hh}}$ и $\text{RYR1}^{\text{NN}}\text{H-FABP}^{\text{Dd}}$ составило 5,2 дней, или 2,8 % и 49 г, или 6,6 %.

При изучении влияния комплекса генов RYR1 и H-FABP на показатели мясной продуктивности откормочного молодняка белорусской мясной породы установлена положительная связь с рядом признаков. Наименьший показатель толщины шпика имели животные с генотипами $\text{RYR1}^{\text{Nn}}\text{H-FABP}^{\text{HH}}$, $\text{RYR1}^{\text{Nn}}\text{H-FABP}^{\text{Dd}}$, $\text{RYR1}^{\text{Nn}}\text{H-FABP}^{\text{dd}}$ – 16,5–16,8 мм, наибольшее значение – 18,4 мм у молодняка с генотипом $\text{RYR1}^{\text{NN}}\text{H-FABP}^{\text{hh}}$, что на 1,6–1,9 мм, или 8,7–10,3 % выше (табл. 4).

Таблица 4. Мясосальные качества молодняка белорусской мясной породы новых линий различных генотипов по генам RYR1 и H-FABP

Линия	Длина туши, см	Толщина шпика, мм	Масса задней трети, кг	Площадь «мышечного глаза», см ²
NNHdd	98,0±0,2	16,5±0,4	11,3±0,1	44,6±0,8
NNHdd	98,4±0,3	16,3±0,6	11,0±0,1	42,6±0,9
NNHhDD	97,8±0,3	17,9±0,3	11,0±0,2	42,4±0,7
NNHhDd	98,6±0,3	16,8±0,3	11,0±0,1	42,6±0,3
NnHhDd	97,9±0,2	16,7±0,1	11,1±0,1	43,2±0,2

Таким образом, тонкий шпик характерен для животных, в генотипе которых присутствует рецессивный аллель. RYR1^{n} . Установлено, что животные с генотипами $\text{RYR1}^{\text{Nn}}\text{H-FABP}^{\text{HH}}$, $\text{RYR1}^{\text{Nn}}\text{H-FABP}^{\text{dd}}$ имели лучший показатель массы задней трети полутуши – 11,6 кг.

По комплексу генов RYR1 и H-FABP с учетом трех генотипов больший показатель длины туши выявлен у животных с генотипами $\text{RYR1}^{\text{NN}}\text{H-FABP}^{\text{HHdd}}$ и $\text{RYR1}^{\text{Nn}}\text{H-FABP}^{\text{HhDd}}$ – 98,4–98,6 см.

Наименьшей толщиной шпика характеризовались животные генотипа $\text{RYR1}^{\text{NN}}\text{H-FABP}^{\text{HHdd}}$ – 16,3 мм, что на 1,6 мм меньше, чем у молодняка с генотипом $\text{RYR1}^{\text{NN}}\text{H-FABP}^{\text{HhDD}}$. По массе задней трети порока достоверных различий между генотипами не установлено.

Заключение. Таким образом, в ходе исследований установлено, что частота встречаемости предпочтительных генотипов по гену ESR (ESR^{BB} и ESR^{AB}) у животных новых генераций составила 40,5 %, по гену PRLR (PRLR^{AA} и PRLR^{AB}) – 78,3 %, по гену RYR1 (RYR1^{NN} и RYR1^{Nn}) – 100,0 %, по гену H-FABP ($\text{H-FABP}^{\text{HH}}$ и $\text{H-FABP}^{\text{dd}}$) – 74,3 %. Анализ распределения частот комплексных генотипов ESR и RYR1 позволил установить, что подавляющее большинство свиноматок имели генотип $\text{ESR}^{\text{AA}}\text{RYR1}^{\text{NN}}$, то есть животные, носители аллеля ESR^{A} и свободные от стресса RYR1^{N} .

Распределение частот комплексных генотипов RYR1H-FABP позволило установить, что наиболее экономичными и целесообразными по скорости роста и затратам корма на 1 кг прироста оказались животные с генотипами RYR1^{NN}H-FABP^{HH} и RYR1^{NN}H-FABP^{dd}, у которых показатели возраста достижения живой массы 100 кг были ниже на 5,4 и 4,2 дней в сравнении с животными генотипов RYR1^{NN}H-FABP^{Hh} и RYR1^{NN}H-FABP^{DD}, а по затратам корма на 1 кг прироста ниже соответственно на 0,4 к. ед.

ЛИТЕРАТУРА

1. Епишко, Т. И. Интенсификация селекционных процессов в свиноводстве с использованием классических методов генетики и ДНК-технологии : дис. ... д-ра с.-х. наук : 06.02.01 / Т. И. Епишко. – Жодино, 2008. – 346 с.
2. Каспирович, Д. А. ДНК-маркеры показателей репродуктивных качеств свиноматок белорусской крупной белой и белорусской мясной пород / Д. А. Каспирович, О. А. Епишко, В. А. Дойлидов // Животноводство и ветеринарная медицина – 2012. – № 3(6). – С. 28–34.
3. Кунаева, Е. К. Повышение эффективности селекции свиней с использованием генов FSHB и ESR / Е. К. Кунаева // Свиноферма. – 2007. - № 10. – С. 17–19.
4. Лобан, Н. А. Геномная селекция в свиноводстве: моногр. / Н. А. Лобан, И. П. Шейко; РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству». – Жодино, 2013. – 274 с.
5. Лэсли, Дж. Ф. Генетические основы селекции сельскохозяйственных животных / Дж. Ф. Лэсли. – Москва : Колос, 1982. – 391 с.
6. Марзанов, Н. С. RYR1-ген у свиней отечественных и зарубежных пород / Н. С. Марзанов, Д. А. Фролкин, Н. А. Зиновьева // Доклады Российской академии сельскохозяйственных наук. – 2001. – № 1. – С. 34–36.
7. Меркурьева, Е. К. Генетика / Е. К. Меркурьева. – Москва : Агропромиздат, 1991. – 446 с.
8. Приступа, Н. В. Интеграция селекционно-генетических приемов и методов при ускоренном создании специализированного заводского типа свиней для систем гибридизации : дис. ... канд с.-х. наук: 06.02.07 / Приступа Н. В. – Жодино, 2012. – 120 с.

СОДЕРЖАНИЕ

РАЗВЕДЕНИЕ, СЕЛЕКЦИЯ, ГЕНЕТИКА И БИОТЕХНОЛОГИЯ РЕПРОДУКЦИИ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ ЖИВОТНЫХ

Г. Ф. Медведев, О. Н. Кухтина. Репродуктивная способность и частота выбытия коров с заболеваниями метритного комплекса	3
В. А. Дойлидов. Двухступенчатый отбор свиноматок с учетом Элиминации носителей генотипа <i>erog^{cc}</i> и величины значений показателей PCOC и PCOC _м	11
Д. С. Конотоп, В. В. Максимович. Проблемы воспроизводства на современном свинокомплексе	19
О. Т. Экхорутомвен, Г. Ф. Медведев. Взаимосвязь показателей репродуктивной способности коров при фронтальной синхронизации половой охоты	27
В. В. Абонеев, Ю. А. Колосов, Е. В. Абонеева, Д. В. Абонеев. Воспроизводительные качества тонкорунных овец при разных технологиях содержания	36
С. В. Рудая, Е. В. Рябинина, В. А. Мельник, Л. М. Пальваль. Полиморфизм однонуклеотидных замен гена миостатина у кур украинской селекции	44
А. М. Котык, В. О. Труфанова, О. В. Труфанов, О. О. Катеринич, А. М. Закревский. Влияние веса яичек в предоперационный период на морфофизиологические и репродуктивные особенности петухов	54
А. Н. Рудак, Ю. И. Герман, А. И. Будевич. Особенности экстерьерно-конституциональных качеств трансгенных коз, разводимых в Беларуси	62
В. П. Симоненко, А. И. Ганджа, Л. Л. Леткевич, И. В. Кириллова, Е. Д. Ракович, О. П. Курак, Н. В. Журина, М. А. Ковальчук. Биологические показатели спермы быков-производителей <i>in vitro</i>	70
Е. А. Капшевич. Анализ генетической структуры чистопородного и помесного молодняка белорусской мясной породы по маркерным генам: ESR, PRLR, RYR1, H-FABP	78
М. А. Горбуков, Ю. И. Герман, В. И. Чавлытко, А. Н. Рудак, А. И. Герман, Е. В. Садыков. Экстерьерно-конституциональные особенности и динамика роста молодняка белорусской упряжной, русской тяжеловозной пород в экспериментальных группах продуктивного направления	86
Н. В. Барулин, А. О. Воробьев, А. О. Жарикова, И. Н. Дубина. Изучение эмбриотоксичности кормовой добавки «Купрум-актив» на лабораторном объекте данио рерио (<i>Danio Rerio</i>)	94
Н. В. Барулин, А. О. Жарикова, А. О. Воробьев, И. Н. Дубина. Влияние фульвой кислоты на эмбриотоксичность данио рерио в эксперименте <i>in vivo</i>	102
Н. Б. Мохначева. Анализ гена бета-казеина (CSN2) в популяциях серой украинской породы крупного рогатого скота	112
А. Г. Марусич, А. П. Павлов. Молочная продуктивность и качество молока коров различных линий быков-производителей Минской области	122
И. В. Гончаренко, С. И. Гришко. Особенности подготовки племенных коров к выставкам и селекционные достижения ГП «Чайка»	130