

количество молочного жира и белка, выше, чем аналоги с генотипами PRL^{AA} и PRL^{AB}. [1,2]

Исходя из выше сказанного можно судить, что для дальнейшей интенсификации селекционно-племенной работы молочного скота возможно выявление наиболее ценных животных методом молекулярно-генетического тестирования. ДНК-диагностика должна проводиться по нескольким генам, включая гены соматотропина и пролактина, так как выявленные более ценные особи могут быть использованы при подборе родительских пар для получения потомства с наилучшими показателями молочной продуктивности.

Библиографический список

1. Епишко, О.А. Влияние генов бета-лактоглобулина и пролактина на показатели молочной продуктивности коров белорусской чёрно-пёстрой породы / 287 О.А. Епишко, В.В. Пешко, Н.Н. Пешко. – сб. науч. тр., под редакцией В.К. Пестиса. – Гродно, 2017. – С. 52-59.

2. Епишко, О.А. Полиморфизм генов молочной продуктивности в популяции крупного рогатого скота Республики Беларусь / О.А. Епишко, Л.А. Танана, В.В. Пешко, Р.В. Трахимчик. – сб. науч. тр. Северо-Кавказского НИИЖ. – 2014. – Т. 3. – № 1. – Р. 41-46.

3. Ильина, А.В. Генетическая оценка состояния популяционного генофонда крупного рогатого скота ярославской породы в ОАО «Михайловское» Ярославского района / А.В. Ильина, Ю.В. Муштукова, О.А. Хуртина // Вестник АПК Верхневолжья. – 2014. - № 4 (28). – С. 39-43.

4. Крупин, Е.О. Молочная продуктивность и качество молока коров в зависимости от генотипа / Е.О. Крупинин, Ш.К. Шакиров, М.Ш. Тагиров // Дальневосточный аграрный вестник. – 2017. - № 4 (44). – С. 120-125

5. Некрасов, Д.К. Взаимосвязь полиморфных вариантов генов пролактина, гормона роста и каппа-казеина с молочной продуктивностью / Аграрный вестник Верхневолжья // Д.К. Некрасов, А.Е. Колганов, Л.А. Калашникова, А.В. Семашкин. – 2017. - № 1 (18). – С. 40-48.

6. Тюлькин С.В. Молекулярно-генетическое тестирование крупного рогатого скота по генам белков молока, гормонов, фермента и наследственных заболеваний: дисс.д. б. н. 06.02.07 /Тюлькин С.В. – Казань, 2019. – С. 349

7. Хабибрахманова, Я.А. Полиморфизм генов молочных белков и гормонов крупного рогатого скота: дис. канд. биол. наук: 06.02.01 / Хабибрахманова Язиля Аминовна. – Лесные Поляны, 2012. – 123 с

УДК 636.4.033: 636.082: 575

ИЗУЧЕНИЕ НАЛИЧИЯ И ЛОКАЛИЗАЦИИ ПОДПИСЕЙ СЕЛЕКЦИИ У СВИНЕЙ КРУПНОЙ БЕЛОЙ ПОРОДЫ

Колосова Мария Анатольевна, кандидат с.х. наук, доцент кафедры разведения с.-х. животных, частной зоотехнии и зоогигиены имени академика

П.Е.Ладана, Донской государственный аграрный университет, пос. Персиановский, Россия, t.leonova@mail.ru

Аннотация: *Свиньи являются одними из стратегически важных животных для сельского хозяйства. Большой интерес представляет оценка генетической дифференциации между свиньями, подвергшимся и не подвергшимся селекционной интенсификации.*

Ключевые слова: *свиньи; гомозиготность по происхождению (HBD); полногеномный коэффициент фиксации (FST).*

С развитием генетики и молекулярной биологии удалось значительно повысить эффективность селекционно-племенной работы, что также повлияло на скорость совершенствования животных. Длительный, целенаправленный отбор по одним и тем же селекционно важным признакам приводит к появлению в геноме сельскохозяйственных животных так называемых подписей селекции, которые связаны с конкретными признаками [1].

При поиске подписей селекции крайне интересен метод FST или полногеномный коэффициент фиксации. Значение FST является мерой дифференциации между популяциями. Значение FST локуса рассчитывается как отношение дисперсии частот аллелей между популяциями и суммы дисперсий внутри и между популяциями. Локус со значительно высокими значениями FST по сравнению с другими локусами может указывать на положительный отбор [2,4]. Сглаженный метод FST основан на модели чистого дрейфа Николсона [3], согласно которой отдельные SNP группируются в геномные окна и рассчитываются как средние значения. Метод позволяет определять генетическую дифференциацию между популяциями, так и внутри популяции.

Подписи селекции могут быть локализованы и в гомозиготных областях различной длины [1]. При создании пород сельскохозяйственных животных накопление гомозиготности позволяет чистопородным животным обладать определенными качествами, а также стойко передавать их потомству [5,6]. Использование областей гомозиготности ROH (Runs Of Homozygosity) позволяет выявлять длинные гомозиготные области в геноме [7]. Для исследований в данном направлении, перспективным является использование метода, предложенного Друэ и Готье, основанного на модели множественных классов HBD (Homozygous-by-Descent). Этот метод позволяет оценить аутозиготность в соответствии с возрастом предков.

Свиньи являются одними из стратегически важных животных для сельского хозяйства, в связи с этим, в последние десятилетия ведется целенаправленная работа на повышение их селекционно-значимых показателей. Это позволило значительно увеличить их репродуктивные, ростовые и мясные показатели. Однако, наряду с высокой продуктивностью у свиней стали все чаще появляться различные аномалии, врожденные дефекты,

проблемы с конечностями и подверженность к различным заболеваниям [1]. В связи с этим большой интерес представляет оценка генетической дифференциации между свиньями, подвергшимся и не подвергшимся селекционной интенсификации.

Материалы и методы. Исследование проводили на двух группах свиней крупной белой породы, которые содержались в одном хозяйстве, но в разные годы. Для работы были отобраны 165 образцов, из них 78 КБ_А (n=78, российской селекции) и КБ_В (n=87, коммерческое поголовье). Для генотипирования использовали GeneSeek® GGP Porcine HD Genomic Profiler v1 (Illumina Inc, США). Для определения характеристик отбора использовали полногеномный коэффициент фиксации FST и идентификацию сегментов HBD (Homozygous-by-Descent).

Результаты исследований. Результаты исследований, полученные методом сглаживания FST, показали 20 областей генома с сильными выбросами, расположенными на всех хромосомах, за исключением SSC2, SSC3 и SSC8. В среднем реализованная аутозиготность составила у свиней крупной белой породы отечественной селекции (КБ_А) - 0,21, у КБ_В - 0,29. У КБ_А определено 13 338 сегментов HBD, 171 на одного животного; у КБ_В - 15 747 сегментов HBD, 181 на одного животного.

Выбросы, обнаруженные методом сглаживания FST, частично локализованы в регионах HBD. В этих областях определены гены ((NCBP1, PLPPR1, GRIN3A, NBEA, TRPC4, HS6ST3, NALCN, SMG6, TTC3, KCNJ6, IKZF2, OBSL1, CARD10, ETV6, VWF, CCND2, TSPAN9, CDH13, CEP128, SERPINA11, PIK3CG, COG5, BCAP29, SLC26A4). Выявленные гены могут представлять особый интерес для дальнейшего изучения их влияния на организм животного, так как могут выступать в качестве генов-кандидатов селекционно-значимых признаков.

Заключение. Исследования, направленные на изучение наличия и локализацию подписей селекции (FST), а также определение областей гомозиготности (HBD) у двух групп свиней разводимых в разное время в одном хозяйстве, позволили выявить различия между популяциями. Наличие локусов количественных признаков (QTL) находящихся на участках гомозиготности и связанных, в том числе, с признаками, на улучшение которых была направлена селекционная работа с породой, делает такие участки наиболее перспективными для поиска потенциальных генов кандидатов связанных с уровнем продуктивности и наличием заболеваний.

На участках генома, определенных при помощи методов FST и HBD, нами установлены гены, которые возможно внесли вклад в изменения, связанные с интенсификацией селекционного процесса у свиней.

Библиографический список

1. Бакоев, С.Ю. Методы оценки инбридинга и подписей селекции сельскохозяйственных животных на основе протяженных гомозиготных

областей [Текст] / С.Ю. Бакоев, Л.В. Гетманцева // Достижения науки и техники АПК, 2019. 33(11).

2. Moravčíková, N., et al., Analysis of selection signatures in the beef cattle genome. Czech Journal of Animal Science, 2019. 64(12): p. 491–503.

3. Nicholson, G., et al., Assessing population differentiation and isolation from single-nucleotide polymorphism data. Journal of the Royal Statistical Society: Series B (Statistical Methodology), 2002. 64(4): p. 695-715.

4. Nielsen, R., et al., Genomic scans for selective sweeps using SNP data. Genome research, 2005. 15(11): p. 1566-75.

5. Porto-Neto, L.R., et al., Genomic divergence of zebu and taurine cattle identified through high-density SNP genotyping. BMC genomics, 2013. 14: p. 876-876.

6. Weigand, H. and F. Leese, Detecting signatures of positive selection in non-model species using genomic data. Zoological Journal of the Linnean Society, 2018. 184(2): p. 528-583.

7. Zhan, H., et al., Genome-Wide Patterns of Homozygosity and Relevant Characterizations on the Population Structure in Piétrain Pigs. Genes (Basel), 2020. 11(5).

УДК 636.4.082.453.5 (470.57)

**ПРОДУКТИВНОСТЬ СВИНОМАТОК В ЗАВИСИМОСТИ ОТ
ВОЗРАСТА ПЕРВОГО ОСЕМЕНЕНИЯ В УСЛОВИЯХ ООО
«УФИМСКИЙ СГЦ»**

Токарев Иван Николаевич, доцент кафедры пчеловодства, частной зоотехнии и разведения животных ФГБОУ ВО Башкирский ГАУ, al_tok@mail.ru

Мещенко Дарья Игоревна, магистрант 1 года обучения ФГБОУ ВО Башкирский ГАУ, meschenko2016@yandex.ru

***Аннотация.** Статья посвящена изучению влияния возраста свинок при первом осеменении на репродуктивные качества и воспроизводительную способность свиноматок в условиях ООО «Уфимский СГЦ». Выявлено, что оптимальный возраст для первого осеменения свинок на данном предприятии является 9-10 месяцев при живой массе 120-140 кг.*

***Ключевые слова:** свиноматки; свинки-первоопороски; оплодотворяемость; реакция половой охоты; воспроизводительная способность.*

Введение. Современное свиноводство – это высокоразвитая отрасль сельского хозяйства, обладающая высокими производственными возможностями. Биологический потенциал продуктивности свиней основан на передовых достижениях науки и практики в области разведения, кормления и содержания животных [5].