

МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ
БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ
БИОЛОГИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ
Кафедра зоологии

СЕРЕБРЯКОВА
Дарья Сергеевна

**НАСЛЕДСТВЕННЫЕ ДЕТЕРМИНИРОВАННЫЕ ЗАБОЛЕВАНИЯ,
СНИЖАЮЩИЕ ПЛОДОВИТОСТЬ СВИНЕЙ**

Дипломная работа

Научный руководитель:
кандидат биологических наук,
доцент М.Е. Михайлова

Допущена к защите
«___» _____ 2023 г.
Зав. кафедрой зоологии

доктор биологических наук, профессор
_____ С.В. Буга

Минск, 2023

РЕФЕРАТ

Дипломная работа 42 с., 10 рис., 4 табл., 41 источник.

НАСЛЕДСТВЕННЫЕ ДЕТЕРМИНИРОВАННЫЕ ЗАБОЛЕВАНИЯ, СНИЖАЮЩИЕ ПЛОДОВИТОСТЬ СВИНЕЙ

Объект исследования: генетические мутации, оказывающие отрицательное влияние на плодовитость свиней.

Цель работы — анализ генетической структуры популяций свиньи домашней (*Sus scrofa domestica*) по выявлению мутаций, обуславливающих проявление наследственных заболеваний, снижающих плодовитость свиней.

Задачи исследования: определение частоты встречаемости аллелей и генотипов генов *PTHR1* (полиморфизм rs330276009) и *PTHLH* (полиморфизм rs318398287) в популяции свиньи домашней исследуемых пород; изучение генетической структуры популяции, выявление частоты встречаемости аллелей и генотипов в генах *PTHR1*, *PTHLH* и *SPEF2 (KPL2)*, детерминирующих кратерность сосков и синдром неподвижных короткохвостых сперматозоидов (ISTS) свиней соответственно.

Методы исследования: молекулярно-генетические методы (выделение ДНК, полимеразная цепная реакция, полимеразная цепная реакция в реальном времени, рестрикционный анализ, электрофорез, секвенирование).

Результаты исследования:

- анализ генетической структуры выборок из популяций свиньи домашней 4 пород (ландрас, йоркшир, дюрок и белорусская крупная белая) по исследуемому локусу rs318398287 гена *PTHLH* (n=165 образцов) выявил частоту аллеля С – 95,8%, аллеля Т – 4,2%, а по исследуемому локусу rs330276009 гена *PTHR1* (n=165 образцов) — частоту встречаемости аллеля С – 61,2%, мутантного аллеля Т – 38,8%.

- анализ генетической структуры выборок из популяций свиньи домашней 4 пород (белорусская крупная белая, дюрок, ландрас и йоркшир) по исследуемому локусу гена *SPEF2 (KPL2)* (n=200 образцов), животных-носителей мутантного аллеля не выявлено, частота встречаемости составила 0,0 %

Однако, учитывая широкое использование искусственного осеменения, использование в воспроизводстве даже одного скрытого носителя может привести к распространению наследственного дефекта в популяции. Поэтому отработанная ДНК-технология может быть использована для ДНК-типирования уже имеющихся хряков-производителей.

РЭФЕРАТ

Дыпломная работа 42 с., 10 мал., 4 табл., 41 крыніца.

СПАДЧЫНЫЯ ДЭТЭРМІНАВАНЫЯ ЗАХВОРАВАННІ, ЗНІЖАЮЧЫЯ ПЛАДАВІТАСЦЬ СВІНЕЙ

Аб'ект даследавання: генетычныя мутацыі, якія аказваюць адмоўны ўплыў на пладавітасць свіней.

Мэта працы - аналіз генетычнай структуры папуляцый свінні хатняй (*Sus scrofa domestica*) па выяўленні мутацый, якія абумоўляюць праявы спадчыннага захворванняў, якія зніжаюць пладавітасць свіней.

Задачы даследавання: вызначэнне частаты сустрэкання алеляў і генатыпаў генаў *PTHR1* (палімарфізм rs330276009) і *PTHLN* (палімарфізм rs318398287) у папуляцыі свінні хатняй даследных парод; вывучэнне генетычнай структуры папуляцыі, выяўленне частаты сустрэкання алеляў і генатыпаў у генах *PTHR1*, *PTHLN* і *SPEF2* (*KPL2*), якія дэтэрмінуюць кратэрнасць саскоў і синдром нерухомах кароткахвостых народкаў (ISTS) свіней адпаведна.

Метады даследавання: малекулярна-генетычныя метады (вылучэнне ДНК, палімеразная ланцуговая рэакцыя, палімеразная ланцуговая рэакцыя ў рэальным часе, рэстрыкцыйны аналіз, электрофарэз, сэквеніраванне).

Вынікі даследавання:

- аналіз генетычнай структуры выбарак з папуляцый свінні хатняй 4 парод (ландрас, ёркшыр, дзюрак і беларуская буйная белая) па даследнаму локусу rs318398287 гена *PTHLN* (n = 165 узораў) выявіў частату алеляў С - 45,8 %, а па даследнаму локусу rs330276009 гена *PTHR1* (n = 165 узораў) – частату сустрэкання алеляў С – 61,2%, мутантавага алеляў Т – 38,8%.

- аналіз генетычнай структуры выбарак з папуляцый свінні хатняй 4 парод (беларуская буйная белая, дзюрак, ландрас і ёркшыр) па даследнаму локусу гена *SPEF2* (*KPL2*) (n = 200 узораў), жывёл-носьбітаў мутантавага алеляў не выяўлена, частата 0%

Аднак, улічваючы шырокае выкарыстанне штучнага абнасенвання, выкарыстанне ва ўзнаўленні нават аднаго ўтоенага носьбіта можа прывесці да распаўсюджвання спадчыннага дэфекту ў папуляцыі. Таму адпрацаваная ДНК-тэхналогія можа быць скарыстана для ДНК-тыпіравання ўжо наяўных кнароў-вытворцаў.

ABSTRACT

Diploma work 42 p., 10 pics, 4 tables, 41 sources.

HEREDITARY DETERMINATED DISEASES REDUCING FERTILITY OF PIGS

Object of study: genetic mutations that have a negative impact on the fertility of pigs.

The aim of this work is to analyze the genetic structure of the populations of the domestic pig (*Sus scrofa domestica*) to identify mutations that cause the manifestation of hereditary diseases that reduce the fertility of pigs.

Research objectives: to determine the frequency of occurrence of alleles and genotypes of the PTHR1 (rs330276009 polymorphism) and PTHLH (rs318398287 polymorphism) genes in the domestic pig population of the studied breeds; study of the genetic structure of the population, identification of the frequency of occurrence of alleles and genotypes in the PTHR1, PTHLH and SPEF2 (KPL2) genes, which determine the cratering of the nipples and the immobile short-tailed spermatozoa syndrome (ISTS) of pigs, respectively.

Research methods: molecular genetic methods (DNA isolation, polymerase chain reaction, real-time polymerase chain reaction, restriction analysis, electrophoresis, sequencing).

Research results:

- analysis of the genetic structure of samples from populations of domestic pigs of 4 breeds (Landrace, Yorkshire, Duroc and Belarusian Large White) for the studied locus rs318398287 of the PTHLH gene (n=165 samples) revealed the frequency of the C allele - 95.8%, the T allele - 4.2 %, and for the studied locus rs330276009 of the PTHR1 gene (n=165 samples), the frequency of occurrence of the C allele was 61.2%, the mutant T allele was 38.8%.

- analysis of the genetic structure of samples from populations of domestic pigs of 4 breeds (Belarusian Large White, Duroc, Landrace and Yorkshire) according to the studied locus of the SPEF2 gene (KPL2) (n=200 samples), animals carriers of the mutant allele were not identified, the frequency of occurrence was 0, 0%

However, given the widespread use of artificial insemination, the use of even one latent carrier in reproduction can lead to the spread of a hereditary defect in the population. Therefore, the proven DNA technology can be used for DNA typing of existing boars.