

При анализе сходства третичных структур исследованных белков-ферментов выявлены близкие изменения их у модельных организмов по сравнению с аналогичными белками человека. Исключением является лишь один фермент у моллюсков – АТФ-dependent 6-phosphofructokinase, liver type, поскольку не удалось найти данных об аминокислотных последовательностях гена этого фермента у моллюска *Biomphalaria glabrata*, хотя полный геном этого организма аннотирован.

Полученные результаты показывают высокий уровень гомологии ферментов обмена глюкозы у человека и свиней и лабораторных крыс, а также средний уровень гомологии – у человека и легочного пресноводного моллюска. Поскольку первичная структура отвечает за соответствие белка кодирующему его гену, а третичная структура связана с функционированием белка, можно полагать, что лабораторные крысы и свиньи остаются наиболее адекватными модельными организмами для человека. Вместе с тем, в ряде медико-биологических экспериментов можно также использовать легочных пресноводных моллюсков.

Список использованной литературы

1. Чиркин, А. А. Молекулярно-структурная гомология протеолитических ферментов: монография / А. А. Чиркин, О. М. Балаева-Тихомирова. – Чебоксары: Издательский дом «Среда», 2022. – 124 с.

2. Молекулярно-структурная гомология протеолитических ферментов в изучении механизма протеолиза и его регуляции / А. А. Чиркин [и др.] // Вес. Нац. акад. наук Беларуси. Сер. хим. наук. – 2021. – Т.57, № 2. – С. 206–217.

3. Чиркин А. А., Молекулярно-биологические критерии отбора модельных организмов для биомедицинских исследований / А. А. Чиркин, П. Ю. Пинчук // Биохимия и молекулярная биология. – 2022. – Том. 1, №1. – С. 114–118.

4. Отбор модельных организмов для биомедицинских исследований посредством изучения молекулярно-структурной гомологии протеолитических ферментов / А. А. Чиркин [и др.] // Новости медико-биологических наук. – 2022. – Т. 22, № 3. – С. 214–218.

УДК 575.174.4

ИССЛЕДОВАНИЕ АЛЛЕЛЬНЫХ ВАРИАНТОВ ГЕНОВ *BF*, *LIF*, *NCOA1* И ИХ АССОЦИАЦИЯ С ВОСПРОИЗВОДИТЕЛЬНЫМИ КАЧЕСТВАМИ СВИНЕЙ

Романишко Е. Л., Киреева А. И., Михайлова М. Е., Гридьюшко Е. С.
Институт генетики и цитологии Национальной академии наук Беларуси,
ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита»
e-mail: lenaRamanishko@mail.ru

Summary. For the first time, a study of potentially significant polymorphisms of the *LIF* (*rs322167972*), *NCOA1* (*rs335362002*, *rs697739229*) and *BF* (*rs339261793*) genes was carried out on a sample of Landrace and Yorkshire sows of Belarusian selection. Primers were designed to identify the polymorphisms under study. Using proven methods, a sample of pigs ($n = 147$)

was genotyped, and the frequencies of alleles and genotypes were determined. It was shown that the number of born and born live piglets from sows with the LIF^{BB} genotype of the Landrace breed exceeded by 1.0 goals animals with the LIF^{AA} genotype ($p < 0.05$). Nest weight at birth was significantly higher in Landrace animals with the $LIF^{AB/BB}$ genotype compared to animals with the LIF^{AA} genotype by 0.9 kg ($p = 0.017$). Animals with the $LIF^{AA/AB}$ genotype were significantly superior to animals with the LIF^{BB} genotype in live weight of the nest at 21 days by 3.685 kg ($p = 0.018$). A similar trend was observed in Yorkshire animals, but the differences were not statistically significant. A tendency was shown that the live weight of the nest at 21 days was higher in Landrace animals with the BF^{BB} genotype compared to animals with the $BF^{AA/AB}$ genotype by 2.28 kg ($p = 0.054$).

Важнейшим показателем продуктивности свиноматок являются их репродуктивные качества. Поэтому, выявление генетических маркеров, контролируемых репродуктивные признаки свиноматок, в том числе и генных сочетаний, ассоциированных с повышенной вероятностью развития у животных желательного фенотипа, является одной из важных задач ученых селекционеров в свиноводстве. Целью нашего исследования было изучение потенциально-значимых локусов генов BF (rs339261793), NCOA1 (rs335362002, rs697739229) и LIF (rs322167972) и выявление предпочтительных аллельных вариантов исследуемых генов, ассоциированных с репродуктивными качествами свиноматок пород ландрас и йоркшир.

В качестве объекта исследования были использованы свиноматки пород ландрас и йоркшир белорусской селекции ($n = 147$ гол.). Материалом для исследования служила ДНК, выделенная из биологического материала – проб ткани (ушной выщип). Биологический материал свиней и данные по опросам свиноматок пород ландрас и йоркшир предоставлены ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита». Анализ последовательности исследуемых генов проводили с помощью базы данных Ensembl и NSBI в форматах FASTA. В результате этого сформирована панель потенциально-значимых полиморфизмов генов, ассоциированных с репродуктивными качествами свиноматок (табл. 1).

Таблица 1 – Панель локусов генов, ассоциированных с репродуктивными качествами свиноматок

Наименование гена	Позиция в хромосоме	Полиморфизм	Локация в референсной последовательности	Тип мутации
BF	Ch 7:24035584	rs339261793	NC_010449.5:g.24035584A>G ENSSSCT00000036375.4:c.742+58A>G	A > G
NCOA1	Ch 3:114052819	rs335362002, rs697739229	NC_010445.4:g.114052819A>G ENSSSCT00000039793.3:c.1972T>C NC_010445.4:g.114052820T>G ENSSSCT00000039793.3:c.1971A>C	T > C (Leu658=) A > C (Val657=)
LIF	Ch 14: 47224772	rs322167972	NC_010456.5:g.47224772A>G ENSSSCT00000044908.2:c.*24T>C	T > C

С помощью разработанных методов было проведено молекулярно-генетическое тестирование выборок свиноматок пород ландрас ($n = 76$ гол.) (табл. 1), йоркшир ($n = 33$ гол.) по локусам генов *BF*, *NCOA1* и *LIF*. Статистический анализ проводился с использованием программ Microsoft Excel (Microsoft Corporation, США) и SPSS v.20.0 (IBM, США). Уровень статистической значимости p при множественных сравнениях вычислялся экспериментально для каждого конкретного случая (сравнения) с использованием точного критерия Фишера. Для сравнения количественных данных после проверки на гомоскедастичность (тест Левена, Levene test) и нормальность распределения (критерий согласия Колмогорова) использовали метод ANOVA.

Анализ ассоциаций исследованных полиморфизмов генов выявил, что животные породы ландрас с генотипом LIF^{BB} являются предпочтительными по таким показателям, как количество рожденных и рожденных живых поросят; предпочтительным генотипом по показателю масса гнезда при рождении является $LIF^{AB/BB}$; по показателю крупноплодность предпочтительным генотипом является LIF^{AA} . Это обусловлено отрицательной корреляцией данных признаков между собой, как правило относительная живая масса каждого поросенка уменьшается пропорционально их количеству в гнезде. У животных породы йоркшир достоверных различий между генотипами свиноматок и их воспроизводительными признаками по гену *LIF* выявлено не было и соответственно не выявлены предпочтительные генотипы, что может быть связано с недостаточной выборкой животных. В нашем исследовании показана тенденция, увеличения живой массы гнезда в 21 день, так называемой молочности ($p = 0,054$) и массы 1 головы в 21 день ($p = 0,098$), у животных породы ландрас с генотипом BF^{BB} , который может быть предпочтительным по данным показателям. Достоверных ассоциаций между разными генотипами гена *NCOA1* и показателями воспроизводительных качеств свиноматок пород ландрас и йоркшир не было выявлено, что может быть связано как с недостаточной выборкой, так и с особенностью генома в результате селекции данной популяции, что не дает возможность использовать ген *NCOA1* в качестве маркера воспроизводительных качеств свиней в исследованных выборках.

УДК 582.288:581.92

ECOLOGICAL IMPORTANCE OF *TRICHODERMA* SPP. AND THEIR SECONDARY METABOLITES FOR ORGANIC FARMING

Kharitonchik Anna, Russkikh Ivan

Republican center of ecology and local study

State scientific and production association "chemical synthensis and biotechnology", Belarusian state university

e-mail: olgaburda@tut.by