УДК 636.4.082

АНАЛИЗ ВЛИЯНИЯ ПОЛИМОРФИЗМА КОМПЛЕКСНЫХ ГЕНОТИПОВ ХРЯКОВ И СВИНОМАТОК ПО ГЕНАМ-МАРКЕРАМ RYR1, IGF-2 (IN 3), MUC4 (IN 7) И EPOR НА ПРОЯВЛЕНИЕ ХОЗЯЙСТВЕННО ПОЛЕЗНЫХ ПРИЗНАКОВ У ПОТОМСТВА

В. А. Дойлидов[1], Д. А. Каспирович[2]

[1] – УО «Витебская ордена «Знак Почета» государственная академия ветеринарной медицины»
г. Витебск, Республика Беларусь, 210026, ул. 1-я Доватора 7/11
e-mail: vsavm@vsavm.by

[2] – УО «Полесский государственный университет»
г. Пинск, Брестская область, Республика Беларусь
225710, ул. Днепровской флотилии, 23
e-mail: box@polessu.by

***Ключевые слова**: комплексный генотип, хряки, свиноматки, откормочные и мясные качества, многоплодие, сохранность поросят.*

***Аннотация.** Целью работы явилась оценка влияния различных полиморфных проявлений комплекса генов-маркеров хряков-производителей RYR1, MUC4 (in 7), IGF-2 (in 3) на проявление у потомков откормочных и мясных качеств, а также комплекса генов-маркеров свиноматок EPOR и MUC4 (in 7) на проявление их репродуктивных качеств. По результатам проведенной оценки можно рекомендовать преимущественный отбор в основное стадо, как наиболее ценных, хряков-производителей, имеющих комплексные генотипы RYR1NN MUC4CC IGF-2QQ, RYR1NN MUC4CC IGF-2Qq и RYR1NN MUC4CG IGF-2QQ, и свиноматок с комплексными генотипами EPORTT MUC4CC, EPORTT MUC4CG, EPORCT MUC4CC и EPORCT MUC4CG.*

ANALYSIS OF INFLUENCE OF POLYMORPHISM OF INTEGRATED GENOTYPES OF BOARS AND SOWS FOR GENES-MARKERS RYR1, IGF-2 (IN 3), MUC4 (IN 7), AND EPOR ON MANIFESTATION OF THE OFFSPRING PRODUCTIVE USEFUL SIGNS

V. A. Dojlidov[1], D. A. Kaspirovich[2]

[1] – EI «Vitebsk orders «Sign of Honour» state academy of veterinary medicine»,
Vitebsk, Republic of Belarus, 1st Dovator 7/11
e-mail: vsavm@vsavm.by

[2] – EI «Polessky State University», Pinsk, Brest region, Republic of Belarus, The Dnieper Flotilla st, 23, e-mail: box@polessu.by

Key words: *complex genotype, boars, sows, fattening and meat quality, multiple pregnancy, piglets' safety.*

Summary. *The aim of the work was to evaluate the effect of various polymorphic manifestations of the complex of genes markers of boar-producers RYR1, MUC4 (in 7), IGF-2 (in 3) on the manifestation of fattening and meat quality offspring, as well as the complex of genes markers of sows EPOR and MUC4 In 7) on the manifestation of their reproductive qualities. Based on the results of the assessment, pre-selection in the main herd, as the most valuable, boar-producers with complex genotypes* $RYR1^{NN}$ $MUC4^{CC}$ $IGF\text{-}2^{QQ}$, $RYR1^{NN}$ $MUC4^{CC}$ $IGF\text{-}2^{Qq}$ *and* $RYR1^{NN}$ $MUC4^{CG}$ $IGF\text{-}2^{QQ}$, *and sows with complex genotypes* $EPOR^{TT}$ $MUC4^{CC}$, $EPOR^{TT}$ $MUC4^{CG}$, $EPOR^{CT}$ $MUC4^{CC}$ *and* $EPOR^{CT}$ $MUC4^{CG}$.

(Поступила в редакцию 31.05.2017 г.)

Введение. На формирование продуктивности сельскохозяйственных животных, как уже известно, оказывают влияние и генетические, и паратипические факторы. Поэтому селекционная работа основывается на оценке продуктивности животных фенотипическими и генетическими методами. Однако при традиционной оценке по фенотипу истинный генетический потенциал их может быть занижен или необъективно оценен. В связи с этим, одной из центральных задач генетики сельскохозяйственных животных является разработка методов объективной оценки генотипов и прогнозирование продуктивности на ранних стадиях онтогенеза [6].

С развитием молекулярной генетики стала возможна идентификация генов, прямо или косвенно связанных с хозяйственными признаками животных – генов-маркеров. Это позволило проводить оценку и отбор животных на уровне ДНК по их истинному генетическому потенциалу [5].

Необходимо отметить, что хотя любой ген, как структурная единица генома, сцеплен с множеством других генов и в связи с этим имеет косвенную связь не с одним каким-то фенотипическим проявлением организма, а с целым комплексом признаков, в то же время следует отметить, что каждый из изучаемых ДНК-маркеров не может быть связан сразу со всем спектром продуктивных показателей свиней. Исходя из этого, желательно проводить оценку генотипов животных не по одному гену, а по их комплексу. Поэтому наиболее передовой задачей маркерзависимой селекции на современном этапе является предварительный анализ влияния комплексных генотипов животных на характер проявления хозяйственно-полезных признаков с выявлением наиболее предпочтительных сочетаний аллелей и рекомендацией их к использованию при отборе.

Ранее изучением влияния комплексных генотипов как свиноматок, так и хряков-производителей на продуктивные качества потомков в нашей республике занималась Епишко О. А. Ею были исследованы в различных комплексах ДНК-маркеры ESR, PRLR, FSHβ и RYR1. Предлагалось отбирать свиноматок-носителей комплексного генотипа $ESR^{BB}PRLR^{AA}FSH\beta^{BB}RYR1^{NN}$, обеспечивающего получение на 29,3% больше живых поросят при рождении с массой гнезда большей на 21,4%, в сравнении с животными с комплексным генотипом $ESR^{AB}PRLR^{AB}FSH\beta^{BB}RYR1^{Nn}$ [4].

Нами ранее проводилось изучение влияния полиморфизма каждого из таких генов-маркеров (RYR1, MUC4 (in 7), IGF-2 (in 3) и EPOR) на детерминируемые ими хозяйственно полезные признаки свиней [2, 3, 11].

Затем был проведен анализ влияния полиморфизма в комплексе данных маркеров на уровень откормочных и мясных качеств потомков хряков-производителей [7].

В ходе дальнейших исследований оказалось, что состав компонентов изученного комплексного генотипа нуждается в изменении.

Повышение откормочных и мясных качеств свиней разводимых в Республике Беларусь пород должно обязательно сочетаться с поддержанием на должном уровне их устойчивости к воздействию стрессфакторов, возникающих в условиях промышленной технологии производства свинины [9].

На этом основании предпочтительно включение, в первую очередь у отцовских форм, в анализируемые комплексы генов-маркеров такого гена, как RYR1, полиморфизм которого определяет устойчивость свиней к стрессу.

При этом отбору должны подлежать только хряки-производители с гомозиготным генотипом $RYR1^{NN}$ при исключении из процесса воспроизводства носителей рецессивного аллеля восприимчивости к стрессу – n [3].

Ген IGF-2 (in 3) в свою очередь определяет уровень откормочных и мясных качеств свиней. А тот факт, что по гену IGF-2 у молодняка проявляется действие желательных аллелей, полученных только от отцов (сказывается патернальное действие данного гена), существенно облегчает разработку последующей селекционной стратегии [10].

Ген MUC4 (in 7), детерминируя устойчивость поросят к колибактериозу, оказывает, кроме того, косвенное влияние на скорость роста молодняка, вследствие чего у переболевших колибактериозом поросят в период выращивания и откорма она может снижаться до 30%, по сравнению с не болевшими [8].

Полиморфизм гена эритропоэтинового рецептора EPOR определяет у самки размер матки, а соответственно, размер гнезда при рождении – многоплодие [1].

В то же время необходимо исключить данный ген из оцениваемого комплексного генотипа хряков, поскольку было установлено, что по данному гену у потомков в основном проявляется действие желательных аллелей, полученных от матери, а генотип предлагается для оценки отцов.

Мы сочли необходимым включить данный ген в состав комплексного генотипа свиноматок, наряду с геном MUC4 (in 7), детерминирующим повышение сохранности поросят.

Исходя из вышеизложенного, **целью работы** явилась оценка влияния различных полиморфных проявлений комплекса генов-маркеров хряков-производителей RYR1, MUC4 (in 7), IGF-2 (in 3) на проявление у потомков откормочных и мясных качеств, а также комплекса генов-маркеров свиноматок EPOR и MUC4 (in 7) на проявление их репродуктивных качеств.

Материал и методика исследований. Исследования были проведены на свинопоголовье белорусской мясной породы, содержавшемся в РУСХП СГЦ «Заднепровский» Оршанского района Витебской области. Объектом исследований явились хряки-производители, свиноматки, поросята-сосуны и откормочный молодняк. Исследование генотипов хряков и свиноматок проводилось методом случайной выборки. В качестве биологического материала для проведения ДНК-анализа использованы ушные выщипы животных, которые консервировались в 100% спирте. В условиях лаборатории молекулярной генетики ГНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт животноводства Россельхозакадемии» из образцов была выделена ДНК с последующим анализом полиморфизма вышеуказанных генов.

Затем была проанализирована детерминация мутаций в генах RYR1, MUC4 (in 7) и IGF-2 (in 3) отцовских генотипов откормочных и мясных качеств потомков по результатам контрольного откорма на КИСС РСУП СГЦ «Заднепровский», а также детерминация мутаций в генах EPOR и MUC4 (in 7) материнских генотипов сохранности потомков в подсосный период и их влияние на другие репродуктивные качества маток.

Расчеты выполнялись на ПЭВМ с помощью программы «Microsoft Office Excel».

Результаты исследований и их обсуждение. При оценке результатов ДНК-анализа проб хряков-производителей выяснилось, что по удельному весу желательных аллелей генотипы могут распределяться

следующим образом: $RYR1^{NN}$ $MUC4^{CC}$ $IGF\text{-}2^{QQ}$ – 100%, $RYR1^{NN}$ $MUC4^{CC}$ $IGF\text{-}2^{Qq}$ – 83,3%, $RYR1^{NN}$ $MUC4^{CG}$ $IGF\text{-}2^{QQ}$ – 83,3%, $RYR1^{NN}$ $MUC4^{CG}$ $IGF\text{-}2^{Qq}$ – 66,6%, $RYR1^{NN}$ $MUC4^{CC}$ $IGF\text{-}2^{qq}$ – 66,6%, $RYR1^{NN}$ $MUC4^{GG}$ $IGF\text{-}2^{QQ}$ – 66,6%, $RYR1^{NN}$ $MUC4^{CG}$ $IGF\text{-}2^{qq}$ – 50,0%, $RYR1^{NN}$ $MUC4^{GG}$ $IGF\text{-}2^{Qq}$ – 50,0%, $RYR1^{NN}$ $MUC4^{GG}$ $IGF\text{-}2^{qq}$ – 33,3%.

По результатам контрольного откорма нами был проведен анализ взаимосвязи комплексных генотипов хряков белорусской мясной породы с откормочными и мясными качествами получаемого от них потомства с учетом возрастания в генотипах отцов удельного веса желательных аллелей (таблицы 1 и 2).

Таблица 1 – Влияние комплексных генотипов хряков белорусской мясной породы по генам RYR1, MUC4 (in 7) и IGF-2 (in 3) на откормочные качества потомства

Удельный вес желательных аллелей $RYR1^{N}$, $MUC4^{C}$ и $IGF\text{-}2^{Q}$ в комплексном генотипе хряков, %	n	Откормочные качества потомков		
		возраст достижения живой массы 100 кг, дн.	среднесуточный прирост живой массы, г	затраты корма на 1 кг прироста, к. ед.
100	**14**	**183±1,9**	**752±16,6**	**3,44±0,051**
83,3	66	185±1,3	736±11,1	3,56±0,030
66,6	98	188±0,8*	711±6,0*	3,59±0,024*
50.0	16	195±1,7***	662±11,1***	3,83±0,060***

Нами установлено (таблица 1), что с увеличением в геноме хряков концентрации желательных генотипов по исследуемым генам отмечалось повышение уровня показателей откормочных качеств их потомства. Так, откормочники, отцы которых имели в комплексных генотипах удельный вес желательных аллелей ($RYR1^{N}$, $MUC4^{C}$ и $IGF\text{-}2^{Q}$) 83,3 и 100%, достигали живой массы 100 кг на 10-12 дней раньше сверстников, полученных от отцов, которые имели в комплексных генотипах удельный вес желательных аллелей 50%, среднесуточные приросты при этом различались на 74-90 г, а затраты корма на 1 кг прироста – на 0,24-0,39 к. ед.

Установлено также (таблица 2), что у потомков, отцы которых имели в комплексных генотипах удельный вес желательных аллелей ($RYR1^{N}$, $MUC4^{C}$ и $IGF\text{-}2^{Q}$) 83,3 и 100%, выявлено увеличение убойного выхода на 0,7-1,6 п. п. и площади «мышечного глазка» на 1,3-1,7 $см^2$, в сравнении со сверстниками, полученными от отцов с удельным весом желательных аллелей 50%

При оценке результатов ДНК-анализа проб свиноматок по удельному весу желательных аллелей генотипы могут распределяться следующим образом: $EPOR^{TT}$ $MUC4^{CC}$ – 100%, $EPOR^{TT}$ $MUC4^{CG}$ – 75%,

EPOR^{CT} MUC4^{CC} – 75%, EPOR^{CT} MUC4^{CG} – 50%, EPOR^{CC} MUC4^{CG} – 25%, EPOR^{CT} MUC4^{GG} – 25%, EPOR^{CC} MUC4^{GG} – 0%.

Таблица 2 – Влияние комплексных генотипов хряков белорусской мясной породы по генам RYR1, MUC4 (in 7) и IGF-2 (in 3) на убойные и мясные качества потомства

Удельный вес желательных аллелей RYR1^{N}, MUC4^{C} и IGF-2^{Q} в комплексном генотипе хряков, %	n	убойный выход, %	Мясные качества потомков			
			длина туши, см	толщина шпика над 6-7 грудными позвонками, мм	масса задней трети полутуши, кг	площадь «мышечного глазка», см^2
100	**14**	**70,2 ±0,45**	**99,6 ±0,57**	**26,9 ±0,76**	**11,4 ±0,14**	**42,6 ±0,61**
83,3	66	69,3 ±0,18	98,8 ±0,23	27,8 ±0,27	11,3 ±0,05	42,2 ±0,29
66,6	98	69,2 ±0,22*	98,8 ±0,20	27,2 ±0,23	11,3 ±0,05	41,9 ±0,23
50.0	16	68,6 ±0,49*	98,8 ±0,66	27,4 ±0,54	11,3 ±0,12	40,9 ±0,49*

На основании данных результатов опоросов свиноматок, полученных в условиях РСУП «СГЦ «Заднепровский», нами был проведен анализ взаимосвязи их комплексных генотипов свиноматок с их репродуктивными качествами с учетом возрастания в комплексных генотипах удельного веса желательных аллелей EPOR^{T} и MUC4^{C} (таблица 3).

Таблица 3 – Влияние комплексных генотипов свиноматок белорусской мясной породы по генам EPOR и MUC4 (in 7) на их репродуктивные качества

Доля желательных аллелей EPOR^{T} и MUC4^{C} в комплексном генотипе маток, %	n	Многоплодие, гол.	Масса гнезда при рождении, кг	Масса гнезда при отъеме в 35 дн., кг	Сохранность поросят за подсосный период, %
100	**26**	**12,3±0,31**	**17,5±0,90**	**89,8±2,36**	**89,0±1,62**
75	48	11,9±0,23	17,1±0,35	89,6±1,46	86,6±1,42
50	27	11,6±0,32	17,6±0,76	89,8±3,03	85,9±1,50
25	14	11,3±0,38*	16,9±1,06	81,4±4,13	79,8±4,07*

При анализе данных таблицы 3 нами установлено положительное влияние повышения доли желательных аллелей EPOR^{T} и MUC4^{C} в генотипах свиноматок на их репродуктивные качества, а в частности – на повышение многоплодия и сохранности поросят за подсосный период. Так, если при удельном весе положительных аллелей в генотипе 50 и 75% многоплодие и сохранность поросят имеют тенденцию к незначительному снижению по сравнению со 100% без достоверной разницы, то при снижении доли этих аллелей в генотипе ниже 50% выявлено

достоверное снижение вышеуказанных показателей, соответственно, на 1,0 гол. или 8,1% и на 10,3 п. п. ($P \leq 0,05$), в сравнении со 100% наличием в генотипе положительных аллелей.

Заключение. Таким образом, по результатам проведенной оценки можно рекомендовать:

– преимущественный отбор как наиболее ценных в плане передачи потомству откормочных и мясных качеств хряков-производителей с удельным весом в комплексном генотипе желательных аллелей ($RYR1^{N}$, $MUC4^{C}$ и $IGF\text{-}2^{Q}$) 83,3 и 100%, т. е. имеющих комплексные генотипы $RYR1^{NN}$ $MUC4^{CC}$ $IGF\text{-}2^{QQ}$, $RYR1^{NN}$ $MUC4^{CC}$ $IGF\text{-}2^{Qq}$ и $RYR1^{NN}$ $MUC4^{CG}$ $IGF\text{-}2^{QQ}$.

– с целью повышения репродуктивных качеств свиноматок отбирать в основное стадо животных носителей не ниже 50% положительных аллелей $EPOR^{T}$ и $MUC4^{C}$, т. е. свиноматок, имеющих комплексные генотипы $EPOR^{TT}$ $MUC4^{CC}$, $EPOR^{TT}$ $MUC4^{CG}$, $EPOR^{CT}$ $MUC4^{CC}$ и $EPOR^{CT}$ $MUC4^{CG}$.

ЛИТЕРАТУРА

1. Ген эритропоэтинового рецептора (EPOR) – новый ген-маркер многоплодия свиноматок / В. А. Дойлидов [и др.] // Ученые записки. – 2009. – Т. 45, вып. 1, ч. 2. – С. 82-85.
2. Дойлидов, В. А. Корреляция полиморфизма генов EPOR, MUC4 и IGF-2 с уровнем продуктивных качеств свиней белорусской селекции / В. А. Дойлидов, Д. А. Каспирович // Актуальные проблемы интенсивного развития животноводства: сб. науч. тр. / УО БГСХА. – Горки, 2010. – Вып. 13, ч. 2. – С. 65-71.
3. Достижения и перспективы использования ДНК-технологий в свиноводстве: монография / Т. И. Епишко [и др.]. - Витебск : ВГАВМ, 2012. - 256 с.
4. Епишко, О. А. Влияние комплексных генотипов генов ESR, PRLR, FSHβ и RYR1 на продуктивность свиноматок и хряков-производителей пород белорусская мясная и дюрок / О. А. Епишко // Проблемы интенсификации производства продуктов животноводства: тез. междунар. научн.-практич. конф. – Жодино 2008. – С. 49-51.
5. Зиновьева, Н. А. Перспективы использования молекулярной генной диагностики сельскохозяйственных животных / Н. А. Зиновьева, Е. А. Гладырь // ДНК-технологии в клеточной инженерии и маркирование признаков сельскохозяйственных животных: материалы Международной конференции. - Дубровицы, 2001. – С.44-49.
6. Калашникова, Л. А. Проблемы использования методов анализа ДНК в генетической экспертизе племенных животных / Л. А. Калашникова // Материалы Международной конференции. – Дубровицы: ВИЖ, 2002. – С.46-51.
7. Каспирович, Д. А. Влияние комплексных генотипов хряков белорусской мясной породы по генам EPOR, MUC4 и IGF-2 на продуктивность их потомства / Д. А. Каспирович, В. А. Дойлидов // Пути интенсификации отрасли свиноводства в странах СНГ: сб. тр. XVI Международной научно-практической конференции / УО ГГАУ. – Гродно, 2009. – С. 65-66.
8. Каспирович, Д. А. Влияние полиморфизма гена ECR F4 (MUC 4) на воспроизводительные способности хряков и репродуктивные качества свиноматок крупной белой породы / Д. А. Каспирович, В. А. Дойлидов, Н. А. Лобан // Ученые записки: сб. науч. тр. по материалам Международной научно-практической конференции «Актуальные проблемы ветеринарной медицины и зоотехнии» / Витебская государственная академия ветеринарной медицины. – Витебск, 2008. – Т. 44, вып. 1. – С. 200-203.

9. Лобан Н. А., Зиновьева Н. А., Василюк О. Я. Гладырь Е. А. Молекулярная генная диагностика в свиноводстве Беларуси // Дубровицы, ВИЖ, 2005. – 42 с.
10. Рекомендации по использованию гена-маркера IGF-2 в селекции свиней / В. А. Дойлидов [и др.]. – Витебск: УО ВГАВМ, 2010. – 15 с.
11. Эффективность использования генов-маркеров EPOR, MUC4 и IGF-2 при повышении продуктивных качеств свиней пород белорусской селекции / В. А. Дойлидов [и др.] // Ученые записки. – 2009. – Т. 45, вып. 2, ч. 2. – С. 47-51.

УДК 636.2.082

ОПРЕДЕЛЕНИЕ РЕЦЕССИВНЫХ МУТАЦИЙ BLAD, CVM И BS В ПОПУЛЯЦИИ КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА МОЛОЧНОГО НАПРАВЛЕНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ

О. А. Епишко[1], В. К. Пестис[1], Л. А. Танана[1], Т. И. Кузьмина[3], Е. С. Чебуранова[1], М. Ю. Шевченко[1], А. П. Петрова[1], Н. А. Глинская[2], Р. В. Трахимчик[1]

[1] – УО «Гродненский государственный аграрный университет»
г. Гродно, Республика Беларусь
(Республика Беларусь, 230008, г. Гродно, ул. Терешковой, 28
e-mail: labgen@mail.ru)

[2] – УО «Полесский государственный университет»

[3] – ФГБНУ Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных

Ключевые слова: *ген, CVM, BLAD, BS, ПЦР, Real-Time*

Аннотация. *Интенсивная селекция на увеличение молочной продуктивности, а также использование импортного генетического материала в племенном животноводстве Республики Беларусь привела к распространению генетических мутаций, которые вызывают гибель и нежизнеспособность молодняка. Выявление генетических аномалий у животных обязательно, т.к. без исключения у них летальных мутаций продажа племенных бычков невозможна. Молекулярно-генетические методы позволяют выявлять генетические аномалии на уровне ДНК, такие как CVM, BLAD, BS в раннем возрасте. Выявление нежелательных аллелей позволит исключить из процесса воспроизводства носителей заболеваний и вести селекцию на элиминацию мутаций. В статье представлена методика определения рецессивных мутаций у животных белорусской черно-пестрой породы и популяции голштинизированного черно-пестрого скота Республики Беларусь. Дана характеристика генетической структуры изучаемой популяции.*

DEFINITION OF RECESSIVE MUTATIONS OF BLAD, CVM AND BS IN POPULATION OF CATTLE OF THE LACTIC DIRECTION OF REPUBLIC OF BELARUS