

УДК 636.4.082

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА ХРЯКОВ-ПРОИЗВОДИТЕЛЕЙ ПОРОД ОТЕЧЕСТВЕННОЙ И ЗАПАДНОЙ СЕЛЕКЦИИ ПО ЛОКУСАМ ГЕНОВ ESR F18/FUT1 И MUC4

Т.Э. Балакир, 2 курс

Научный руководитель – Д.А. Каспирович, к.с.-х.н., доцент

Полесский государственный университет

В отечественном свиноводстве важная роль отводится разработке новых подходов к совершенствованию продуктивных качеств животных, так как традиционные методы не позволяют получать конкурентоспособный племенной материал, который бы соответствовал мировым стандартам

[1]. Перспективным инструментом достижения этой цели является маркер-зависимая селекция, основанная на поиске генов, детерминирующих продуктивные качества животных и их устойчивость к заболеваниям [5].

В настоящее время в селекции используют около 100 ДНК-маркеров:

- гены, обуславливающие качество мяса, – HAL1843, CRC1, CAST;
- гены, связанные с плодовитостью – ESR, PRLR, PBP4;
- гены, детерминирующие скорость роста и содержание жира, – MC4R, AFABR, IGF2 и другие [4].

В то же время в свиноводстве до сих пор не решена проблема, связанная с низкой сохранностью молодняка, – следствием заболевания колибактериозом. Это объясняется высокой устойчивостью эшерихий к различным антибактериальным препаратам.

Как показала практика стран с развитым свиноводством, повысить устойчивость свиней к колибактериозу можно за счет использования в воспроизводстве животных с желательными генотипами по локусам генов, определяющих устойчивость к этому заболеванию. К таким генам относятся MUC4 (интрон 17) и ECR F18/FUT1 [3]. Желательный генотип в первом случае – MUC4^{GG}, во втором – ECR F18/FUT1^{AA}.

Результаты исследований зарубежных ученых, показали, что в схемах подбора следует учитывать генотипы по комплексу генов, определяющих тот или иной показатель продуктивности животных [2].

Поэтому целью нашей работы явилось определение частот встречаемости комплексных генотипов по локусам генов ECR F18/FUT1 и MUC4 (интрон 17) у хряков-производителей отечественной и западной селекции.

Экспериментальная часть работы выполнялась на базе научно-исследовательской лаборатории промышленной и фундаментальной биотехнологий и НИЛ лонгитудинальных исследований УО «Полесский государственный университет», ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси», а также ОАО СГЦ «Западный» Брестского района.

В качестве объекта исследований использованы хряки-производители пород отечественной (белорусская крупная белая) и западной (дюрок, ландрас) селекции.

Материалом для ДНК-анализа послужил эякулят подопытных животных. ДНК выделялось перхлоратным методом.

В ходе исследований использовались методы популяционной генетики. Были рассчитаны частоты встречаемости аллелей и комплексных генотипов методами, предложенными Е. К. Меркурьевой.

По результатам генотипирования животных были рассчитаны частоты аллелей генов ECR F18/FUT1 и MUC4. Наименьшая частота нежелательного аллеля ECR F18/FUT1^G установлена у животных белорусской крупной белой породы – 0,62. Чаше этот аллель встречался у хряков породы дюрок – 0,71. Что касается частот встречаемости аллелей гена MUC4 (интрон 17), во всех группах животных преобладал нежелательный аллель MUC4^A – от 0,75 у хряков породы дюрок до 1,0 в группе животных породы ландрас.

Далее мы провели расчет встречаемости комплексных генотипов (таблица).

Таблица – Частота встречаемости комплексных генотипов по локусам генов ECR F18/FUT1 и MUC4 (интрон 17) в исследованных группах хряков-производителей

Породы	n	Частоты встречаемости генотипов, %					
		ECR F18/FUT1 ^{GG} MUC4 ^{AA}	ECR F18/FUT1 ^{GG} MUC4 ^{AG}	ECR F18/FUT1 ^{GG} MUC4 ^{GG}	ECR F18/FUT1 ^{AG} MUC4 ^{AA}	ECR F18/FUT1 ^{AG} MUC4 ^{AG}	ECR F18/FUT1 ^{AA} MUC4 ^{AA}
Белорусская крупная белая порода	18	27,8	16,7	5,5	16,7	11,1	22,2
Дюрок	12	8,3	33,4	8,3	41,7	-	8,3
Ландрас	8	50	-	-	37,5	-	12,5

Как видно из данных таблицы 1, у животных белорусской крупной белой породы установлена достаточно высокая частота крайне нежелательного комплексного генотипа ECR F18/FUT1^{GG}MUC4^{AA} – 27,8%. Высокий удельный вес пришелся на генотип ECR F18/FUT1^{AA}MUC4^{AA} – 22,2%. Меньше всего было хряков с генотипом ECR F18/FUT1^{GG}MUC4^{GG} – 5,5%.

В группе животных породы дюрок преобладал генотип ECR F18/FUT1^{AG}MUC4^{AA} – 41,7%. Половина животных породы ландрас несли в своем геноме комплексный генотип ECR F18/FUT1^{GG}MUC4^{AA}.

Установленная нами генетическая структура групп животных исследованных пород, отсутствие в них генотипа ECR F18/FUT1^{AA}MUC4^{GG}, свободного от мутантных аллелей, лишний раз говорит о необходимости ДНК-анализа животных по генам, детерминирующим устойчивость к колибактериозу, с последующим использованием в схемах подбора родительских форм с лучшими генотипами.

Список использованных источников

1. Болдырева, Ю.С. Мясная продуктивность свиней различных генотипов / А.В. Ранделин, Н.И. Ковзатов, Д.В. Николаев // Известия Нижневолжского агроуниверситетского комплекса – Волгоград, 2013. – № 3 (31). – С. 157-160.
2. Гладырь, Е.А. Использование маркерных генов в свиноводстве / Е.А. Гладырь, Р.Ю. Арсиенко, В.П. Мичурин // ДНК–технологии в клеточной инженерии и маркирование признаков сельскохозяйственных животных – Дубровицы, 2001. – С. 64-67.
3. Гришкова, А.П. Использование ДНК-маркеров в селекции свиней заводского типа КМ-1 / А.П. Гришкова, Д.А. Барков // Международный журнал прикладных и фундаментальных исследований – Пенза, 2015. – № 3. – С. 241-244.
4. Крюков, В.И. Использование ДНК маркеров в селекции свиней / А.В. Пискунова, Н.Г. Друшляк // Вестник ОрелГАУ – 2011. – № 1. – С.36-40.
5. Перспективные гены-маркеры продуктивности сельскохозяйственных животных / А.Ю. Колосов [и др.] // Молодой ученый – Казань, 2013. – № 12 (59). – С.612.