

ГЕН IGF2 КАК МАРКЕР ОТКОРМОЧНОЙ И МЯСНОЙ ПРОДУКТИВНОСТИ СВИНЕЙ ПОРОД БЕЛОРУССКОЙ СЕЛЕКЦИИ

Дойлидов В.А., Каспирович Д.А.*, Лобан Н.А.**, Костюнина О.В.***, Быкова М.И., Михайлова Т.И.****

*УО «Витебская ордена «Знак Почета» государственная академия
ветеринарной медицины», г. Витебск, Республика Беларусь, 210026

**РУП «Научно-практический центр НАН Беларуси по животноводству»,
г. Жодино, Минская обл., Республика Беларусь

***ГНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт животноводства
Россельхозакадемии», пос. Дубровицы, Московская обл., Российская Федерация, 142132

****СГЦ «Заднепровский», Республика Беларусь

Results of researches on carrying out of the genetic analysis of male pigs Belarus large white and Belarus meat breeds on character of polymorphism of gene IGF2 causing a level of feeding and meat efficiency of posterity received from them are resulted.

Приведены результаты исследований по проведению генетического анализа хряков белорусской крупной белой и белорусской мясной пород на характер полиморфизма гена IGF-2, обуславливающего уровень откормочной и мясной продуктивности получаемого от них потомства.

Введение. Стратегической задачей сельского хозяйства Республики Беларусь является производство важнейших продуктов питания для обеспечения населения и приобретения, взамен, энергоресурсов и других технических средств, не производимых в стране. В республике создана высокоразвитая отрасль свиноводства, способная обеспечить продовольственную безопасность государства и экспорт части продукции в страны ближнего зарубежья. Дальнейшее развитие свиноводства, намеченное Государственной программой возрождения и развития села на 2005 – 2010 годы, предусматривает значительное увеличение (до 350 тысяч тонн) производства свинины на основе как внедрения современных малозатратных технологий, так и использования высокопродуктивных генотипов животных.

В последние десятилетия выраженной тенденцией в развитии современного свиноводства как зарубежных стран, России, так и Республики Беларусь является селекция на получение быстрорастущих животных с повышенным содержанием в тушах постного мяса и сниженным жиротложением. При проведении комплексной оценки продуктивности свиней во всех развитых странах таким показателем, характеризующим мясную продуктивность, как убойный выход, толщина шпика и площадь «мышечного глазка» придается большое значение [7].

В то же время, селекция свиней на повышение скорости роста и мясности туш, ведущаяся традиционными методами, затруднена вследствие относительно высокой вариабельности признаков. Практика показывает, что за последнее десятилетие удалось увеличить среднесуточные приросты животных на откорме всего лишь на 22-50 г, массу задней трети полутуши на 0,3-0,5 кг, площадь «мышечного глазка» на 1,2-2,2 см², толщину шпика снизить только у свиней белорусской мясной породы на 1 мм [5].

Очевидно, это результат сложившейся в республике системы селекционно-племенной работы в свиноводстве, которая, как правило, замыкается в рамках отбора и подбора животных по собственной продуктивности. При этом не всегда принимаются во внимание результаты оценки по качеству потомства в силу продолжительности их получения и не учитываются модификационные факторы. Реализации максимального генетического прогресса препятствует и отсутствие более совершенных методов оценки комбинационной способности пород свиней, а также адекватной оценки отдельных племенных животных на уровне генома. Поэтому все большее значение в селекционной работе по повышению мясных качеств свиней приобретают гены-маркеры мясной продуктивности [2].

MAS (marker assisted selection) – селекция с помощью маркеров – это поиск особенных различий между ДНК, которые отличают породы и индивидуальные особи. Если маркер выявит потенциал продуктивности индивидуальной особи, это не только значительно повысит точность селекции, но и позволит сократить затраты на возможное последующее тестирование по продуктивным признакам [1].

Маркер зависимая селекция имеет ряд преимуществ перед традиционными методами. Она не учитывает изменчивость хозяйственно-полезных признаков, обусловленную внешней средой, делает возможным оценку животных в раннем возрасте независимо от пола животных и в конечном итоге повышает эффективность селекционной работы [6].

Достижение высоких племенных и продуктивных качеств разводимых в республике пород и гибридного молодняка на откорме невозможно без внедрения передовых методов ДНК-технологий: нахождения генетических маркеров, отвечающих за определенные показатели продуктивности; исключение из селекционного процесса животных с генными мутациями, приводящими к снижению продуктивности и качеству получаемой продукции; проведения генетической экспертизы происхождения животных по общепринятым в мировой практике методам [7].

Надо отметить, что процесс внедрения маркерной селекции по любому потенциальному маркеру включает несколько ступеней. Если первые этапы работ (выявление потенциального маркера, поиск мутации, разработка систем анализа) выполняются исключительно в научно-исследовательских институтах, то проведение последующих этапов (популяционно-генетический, ассоциативный и корреляционный анализ) возможно только при тесном сотрудничестве науки с производством [3].

На сегодняшний день выявлен целый ряд генов – потенциальных маркеров мясных и откормочных ка-

цеств свиней: POU1F1, IGF-2 и MC4R и др. Одним из наиболее перспективных из них является ген инсулиноподобного фактора роста 2 – IGF2, который участвует в широком спектре метаболических и дифференцирующих процессов, а мутация в данном гене q – Q существенно влияет на скорость роста и отложение жира у свиней. При этом свиньи, несущие в своем генотипе желательное сочетание аллелей QQ данного гена, отличаются повышенными среднесуточными приростами живой массы и мясностью туш.

Было также установлено, что ген IGF2 характеризуется патернальным действием на продуктивность. Это означает, что у потомства проявляется действие только того аллеля, который был получен от отца. Данный факт существенно облегчает разработку селекционной стратегии, так как для достижения положительного эффекта у потомства достаточно проведения тестирования и отбора только хряков [4, 8].

В настоящее время в лаборатории генетики ВИЖ (Россия) освоена методика генетического анализа свиней на характер полиморфизма данного гена.

Цель работы – определение генетической структуры популяций свиней пород белорусская крупная белая и белорусская мясная по гену IGF2 и изучение влияния генотипа отца по данному гену на откормочные и мясные качества потомства.

Для осуществления этой цели поставлены следующие задачи:

- определить частоты встречаемости гена IGF2 у хряков белорусской мясной и белорусской крупной белой пород, разводимых в условиях СГЦ «Заднепровский» Оршанского района Витебской области;
- выявить зависимость продуктивности откормочного молодняка от характера полиморфизма гена IGF2 у хряков-производителей.

Материал и методика исследований. Исследования проводились на хряках-производителях и откормочном поголовье свиней белорусской крупной белой и белорусской мясной пород, разводимых в условиях селекционно-гибридного центра «Заднепровский» Оршанского района Витебской области. Исходным материалом для генетического анализа служили пробы ткани (выщипы ушной раковины). Определение генотипов по IGF2 осуществлялось в условиях лаборатории молекулярной генетики ВИЖ (Россия) с использованием пиросеквенирования.

В ходе исследований были учтены:

1. Частоты встречаемости аллелей q и Q гена IGF2 в популяциях исследуемых пород.
2. Откормочные качества молодняка – согласно методике контрольного откорма (ОСТ 103-86). Оценку подсвинков проводили по энергии роста и затратам корма на единицу прироста живой массы.
3. Убойные и мясные качества молодняка – на мясокомбинате СГЦ «Заднепровский» по достижении живой массы 100 кг. При этом определяли: убойный выход, длину охлажденных туш, толщину шпика над 6-7 грудным позвонком, массу задней трети полутуши, площадь «мышечного глазка». Линейные показатели измеряли лентой и линейкой, а весовые — на весах.

Результаты исследований и их обсуждение. Анализ результатов генетических тестов, проведенных на хряках-производителях белорусской крупной белой и белорусской мясной пород, позволил выявить частоты встречаемости аллелей гена IGF-2 (рис. 1) и различных генотипов по данному гену (табл. 1).

Таблица 1. Распределение частот встречаемости генотипов гена IGF-2 у хряков

n	Частоты генотипов, %		
	QQ	Qq	qq
Белорусская мясная порода (БМП)			
30	10	26,6	63,4
Белорусская крупная белая порода (БКБП)			
44	-	43,2	56,8

Как следует из данных таблицы, частота встречаемости предпочтительного генотипа QQ у хряков белорусской мясной породы была невелика и составила 10 %, а среди хряков белорусской крупной белой данного генотипа выявлено вообще не было. Частота встречаемости гетерозиготного генотипа Qq у животных варьировала в достаточно широком диапазоне – от 26,6 % у хряков белорусской мясной породы до 43,2 % у хряков белорусской крупной белой породы; гомозиготного генотипа qq – 63,4-56,8 %, соответственно.

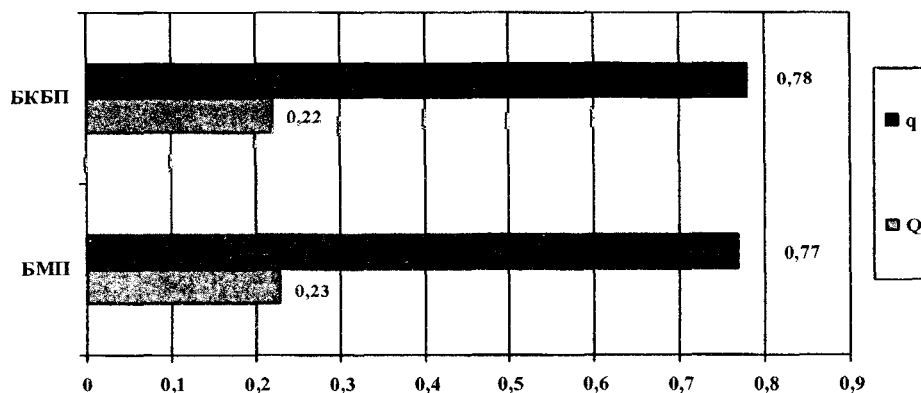


Рисунок 1. Распределение аллелей гена IGF-2

Как следует из данных рисунка, у хряков белорусской мясной породы частота встречаемости предпочтительного с точки зрения повышения откормочных и мясных качеств аллеля Q в гене IGF2 составила 23 %, среди хряков белорусской крупной белой породы – 22 %.

Проведенное ранее российскими учеными генотипирование свиней различного происхождения выявило значительно более высокие частоты встречаемости желательного аллеля Q у свиней зарубежной селекции, что, по всей видимости, является следствием проведения интенсивной селекции на мясность. Наличие же в популяциях нежелательного аллеля q при невысокой жесткости отбора по мясным качествам (как в России, так и в Республике Беларусь это практически неизбежно, поскольку на сегодняшний день в большинстве племенных хозяйств не внедрены методы прижизненного определения мясности и BLUP-оценки свиней), а также при жестком отборе свиней по репродуктивным качествам (согласно данным бразильских ученых, аллель q положительно связан с репродуктивными качествами свиноматок) приводит к вымыванию аллеля Q из популяции и, как следствие, к снижению энергии роста и мясных качеств молодняка. [4].

Результаты оценки молодняка белорусской крупной белой и белорусской мясной пород на контрольном откорме на контрольно-испытательной станции СГЦ «Заднепровский» в зависимости от генотипов хряков по гену IGF2 представлены в таблицах 1-2.

Таблица 2. Продуктивность откормочного молодняка белорусской крупной белой породы в зависимости от генотипа отца по гену IGF2

Генотипы	n	Откормочные качества			Мясные качества		
		Возраст достижения живой массы 100 кг, дн.	Среднесуточный прирост, г	Затраты корма на 1 кг прироста, к.ед.	Длина туши, см	Толщина шпика, мм	Масса задней трети полутуши, кг
Qq	147	185,9 ±0,51	728 ±3,92	3,51 ±0,01	98,0 ±0,04	25,3 ±0,11	10,9 ±0,02
qq	182	187,9 ±0,27	711 ±2,04**	3,55 ±0,01*	97,6 ±0,05	26,1 ±0,12*	10,9 ±0,02

При сравнении животных с генотипами qq и Qq (генотипа QQ зафиксировано не было) гена IGF2 выявлено, что потомство хряков, несущих в геноме гетерозиготный генотип Qq, имеет тенденцию к превосходству по откормочным и мясным качествам своих аналогов с генотипом qq: по возрасту достижения живой массы 100 кг – на 2 дня или 1,1 %; среднесуточному приросту – на 17 г или 2,4 %; длине туши – 0,4 см или 0,4 %. При этом затраты корма и толщина шпика у них были ниже на 0,04 к.ед., или 1,13 %, и 0,8 мм, или 3,1 %, соответственно.

Таблица 3. Продуктивность откормочного молодняка белорусской мясной породы в зависимости от генотипа отца по гену IGF2

Генотипы	n	Откормочные качества			Убойные и мясные качества				
		Возраст достижения живой массы 100 кг, дн.	Среднесуточный прирост, г	Затраты корма на 1 кг прироста, к.ед.	Длина туши, см	Толщина шпика, мм	Масса задней трети полутуши, кг	Площадь мышечного глазка, см ²	Убойный выход, %
QQ	21	180 ±1,7**	773 ±14,9**	3,41 ±0,04**	99,4 ±0,42	27,09 ±0,69	11,45 ±0,12	43,6 ±0,63**	70,0 ±0,39
Qq	82	184 ±1,0	741 ±9,2	3,52 ±0,02	98,6 ±0,21	27,12 ±0,28	11,29 ±0,04	42,4 ±0,30	69,4 ±0,18
qq	150	187 ±0,6	721 ±5,0	3,55 ±0,02	98,8 ±0,17	26,80 ±0,25	11,21 ±0,03	41,6 ±0,21	69,0 ±0,16

Примечание: *- P<0,05, **- P<0,01, ***- P<0,001

При анализе таблицы было выявлено, что потомство хряков, несущих в геноме гомозиготный генотип QQ, достоверно превосходило по откормочным и мясным качествам своих аналогов от отцов с генотипом qq: по возрасту достижения живой массы 100 кг – на 7 дней (P<0,001), или 3,8 %; среднесуточному приросту – на 52 г (P<0,01) или 7,2 %; затратам корма на 1 кг прироста – ниже на 0,14 к. ед. (P<0,01), или 4,1 %; массе задней трети полутуши – на 0,24 кг (P<0,05) или 2,1 %; площади мышечного глазка – на 2 см² (P<0,01), или 4,8 %; убойному выходу – на 1 % (P<0,05). Кроме этого отмечена положительная тенденция по данным показателям среди потомков, полученных от хряков с гетерозиготным генотипом Qq, по сравнению с гомозиготами qq.

Заключение. В результате проведенных исследований по выявлению влияния характера полиморфизма и по влиянию наличия различных аллеломорфных вариантов гена IGF-2 в генотипе хряков-производителей на откормочные и мясные качества молодняка свиней белорусской крупной белой и белорусской мясной пород установлено:

1. Частота встречаемости желательного генотипа QQ среди хряков белорусской мясной породы была относительно низка и составила – 10 %. Среди хряков белорусской крупной белой породы данного генотипа

Ученые записки УО ВГАВМ, том 44, выпуск 2

выявлено не было. Гетерозиготный генотип Qq имел достаточно широкий диапазон – от 26,6 % у хряков белорусской мясной породы до 43,2 % у хряков белорусской крупной белой породы.

2. Откормочный молодняк как белорусской крупной белой, так и белорусской мясной пород, полученный от хряков, несущих в своем геноме генотипы: Qq гена IGF-2, имеет тенденцию к превосходству над своими сверстниками от хряков, несущих в геноме генотипы qq по откормочным и мясным качествам.

3. Потомство хряков белорусской мясной породы, несущих в геноме гомозиготный генотип QQ, достоверно превосходило по откормочным и мясным качествам своих аналогов от отцов с генотипом qq по возрасту достижения живой массы среднесуточному приросту на откорме, затратам корма на единицу прироста живой массы, а также по убойному выходу, массе задней трети полутуши и площади «мышечного глазка».

Исходя из вышеизложенных результатов научно-производственного опыта можно заключить, что ген IGF2 (ген инсулиноподобного фактора роста 2) является перспективным геном-кандидатом, позволяющим прогнозировать энергию роста и мясность свиней, разводимых в Республике Беларусь пород. Учитывая влияние нежелательного аллеля q, для повышения откормочных и мясных качеств свиней можно рекомендовать проведение оценки ремонтных хрячков с использованием в качестве дополнительного критерия отбора данных анализа их генотипа по гену IGF2.

Список использованной литературы. 1. Диагностика стрессочувствительности свиней, полученных при различных комбинациях скрещиваний по гену RYR1 / М. Е. Михайлова [и др.] // Зоотехническая наука Беларуси: сб. науч. тр. / Республиканское унитарное предприятие «Институт животноводства Национальной академии наук Беларуси». – Жодино, 2005. – Т. 40. – С. 93-97. 2. Епишко, Т. И. Интенсификация селекционных процессов в свиноводстве с использованием классических методов генетики и ДНК-технологии: автореф. ...дис. д-ра с.-х. наук: 06.02.01. / Т. И. Епишко; РУП «Научно-практический центр НАН Беларуси по животноводству». – Жодино, 2008. – 44 с. 3. 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. 4. Костюнина, О. В. Ген IGF-2 – потенциальный ДНК-маркер мясной и откормочной продуктивности свиней / О. В. Костюнина, А. Н. Левитченков, Н. А. Зиновьева // «Животноводство России». – 2008. №1. С.12-14. 5. Лобан, Н. А. Селекционно-генетические методы повышения продуктивности свиней: аналитический обзор / Н. А. Лобан; рец. И. П. Шейко; РУП «Институт животноводства НАН Беларуси». – Минск, 2005. – 55 с. 6. Сравнительный анализ генетических профилей свиней ливенской породы по ДНК-маркерам / Н. Зиновьева [и др.] // Свиноводство. – 2007. – №2. – С.5-9. 7. Шейко, И. П. Задачи селекционно-племенной работы по повышению генетического потенциала сельскохозяйственных животных / И. П. Шейко, Н. А. Попков // Белорусской сельское хозяйство. – 2008. - №1. – С. 38-44. 8. Effect of genetic variability of the porcine pituitary-specific transcription factor (Pit-1) on carcass traits in pigs / K. Stancekova [et al.] // Anim. Genet. – 1999. – Vol. 30. – P. 313-315.