

ЖЫВЁЛАГАДОЎЛЯ І ВЕТЭРЫНАРНАЯ МЕДЫЦЫНА

УДК 636.4.082.12

Н. А. ПОПКОВ, И. П. ШЕЙКО, Н. А. ЛОБАН, О. Я. ВАСИЛЮК, А. С. ЧЕРНОВ

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ МЕТОДОВ МОЛЕКУЛЯРНОЙ ГЕННОЙ ДИАГНОСТИКИ ДЛЯ ПОВЫШЕНИЯ ОТКОРМОЧНЫХ И МЯСНЫХ КАЧЕСТВ СВИНЕЙ БЕЛОРУССКОЙ КРУПНОЙ БЕЛОЙ ПОРОДЫ

Научно-практический центр НАН Беларуси по животноводству

(Поступила в редакцию 19.12.2007)

В настоящее время в свиноводстве широко используются новые разработки, основанные на применении методов молекулярной генной диагностики животных. Возможность проведения ДНК-диагностики признаков продуктивности (мясной, скорости роста, плодовитости и т. п.) непосредственно на уровне генотипа означает, что селекционная оценка может применяться в раннем возрасте без учета изменчивости признаков, обусловленных внешней средой, что дает преимущество перед традиционной селекцией.

Как известно, селекция свиней на повышение темпов роста и увеличения мясности туш традиционными методами затруднена вследствие относительно низкой наследуемости и большой вариабельности признаков. В этой связи поиск предпочтительных аллелей генов, обуславливающих повышение откормочных и мясных качеств свиней, приобретает большое значение в селекции. В качестве маркеров продуктивных качеств в настоящее время рассматриваются следующие: гипофизарный фактор транскрипции (POU1F1); ген инсулиноподобного фактора роста (IGF-2); меланинкортин-рецептор (MC4R) и др. [1].

Полиморфизм гена POU1F1 обусловлен наличием двух аллелей – С и D. Имеющиеся литературные данные о предпочтительных с точки зрения селекции генотипах данного гена носят противоречивый характер. Так, результаты китайских исследований показывают, что для местных свиней пород Meishan, Jangquhai и Xiangzhu предпочтительным является генотип DD: свиньи этого генотипа превосходили животных с генотипом CC по скорости роста и имели более низкую толщину шпика [2]. Исследования же европейских ученых на местных свиньях крупной белой породы показали, что предпочтительным по скорости роста является генотип CC [3].

Полиморфизм гена IGF-2 обусловлен двумя аллелями – q и Q. Свиньи, несущие в своем генотипе желательный генотип QQ гена IGF-2, отличаются повышенными среднесуточными приростами живой массы и мясностью туш, более низкой толщиной шпика. У крупной белой породы генотипа QQ зафиксировано не было. Следует отметить, что положительное действие аллеля Q данного гена проявляется у потомков при наследовании его только у отца (патернальный эффект).

Ген MC4R связан с показателями энергии роста свиней. Выявлен полиморфизм – аллели А и В. Животные, имеющие генотип ВВ, по показателям откормочной и мясной продуктивности превосходят аналогов с генотипом АА [4].

Цель настоящих исследований – изучение влияния полиморфизма генов POU1F1, IGF-2 и MC4R на откормочные и мясные качества свиней белорусской крупной белой породы. В условиях Республики Беларусь исследования проведены впервые.

Материалы и методы исследования. Исследования проводили в условиях селекционно-гибридного центра «Заднепровский» Оршанского района Витебской области. Объектами исследования являлись свиноматки, хряки и откормочное поголовье свиней белорусской крупной белой

породы. Пробы генетического материала у опытных животных отбирали с ушной раковины, из которых в лаборатории молекулярной генетики (ВИЖ, Россия) были выделены и оптимизированы тест-системы для анализа полиморфизма генов методом ПЦР-ПДРФ-анализа. Статистическую обработку проводили по методике Е. К. Меркурьевой.

Результаты и их обсуждение. Частоты встречаемости аллелей и генотипов генов POU1F1, IGF-2 и MC4R у свиней белорусской крупной белой породы представлены в табл. 1 и на рис. 1. Так, у хряков белорусской крупной белой породы частота встречаемости предпочтительного с точки зрения повышения откормочных и мясных качеств аллеля С в гене POU1F1 составила 0,39%; аллеля Q в гене IGF-2 – 0,22%. В гене MC4R частота предпочтительного аллеля В составила 0,9%, что согласуется с данными М. Chen, А. Wang и др. [4].

Таблица 1. Распределение частот встречаемости генотипов генов POU1F1, IGF-2 и MC4R у хряков белорусской крупной белой породы (n = 44)

Ген	Частоты генотипов, %		
	CC	CD	DD
POU1F1	18,2	40,9	40,9
	qq	Qq	QQ
IGF-2	56,8	43,2	–
	AA	AB	BB
MC4R	–	20,5	79,5

Результаты оценки молодняка белорусской крупной белой породы на контрольном откорме на контрольно-испытательной станции СГЦ «Заднепровский» в зависимости от генотипов по генам POU1F1, IGF-2 и MC4R (табл. 2) показали, что откормочный молодняк свиней белорусской крупной белой породы с генотипом CC по гену POU1F1 достоверно ($P < 0,01$) превосходил животных с генотипом DD: по возрасту достижения живой массы 100 кг – на 2,6%; среднесуточному приросту живой массы – на 5,0%; затратам корма – на 1,4%; массе задней трети полутуши – на 6,8% (разница по длине туши и толщине шпика была статистически недостоверна).

Представляет интерес изучение показателей по гетерозиготному генотипу CD. Так, молодняк с генотипом DD имел тенденцию к превосходству практически по всем показателям продуктивности по сравнению с генотипом CD, но все отмеченные различия были статистически недостоверны.

В наших исследованиях по гену MC4R генотип AA выявлен не был, что согласуется с данными М. Chen, А. Wang и др. [4].

Также отмечена тенденция превосходства животных с генотипом BB над их аналогами с гетерозиготным генотипом AB по возрасту достижения живой массы 100 кг – на 0,43%; среднесуточному приросту – 1,12% (разница недостоверна).

При сравнении животных с генотипами qq и Qq (генотип QQ зафиксирован не был) гена IGF-2 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

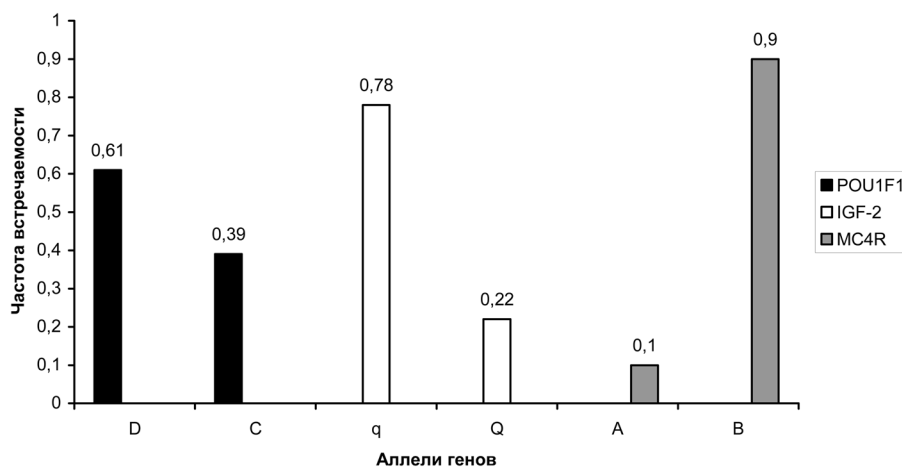


Рис. 1. Распределение аллелей генов POU1F1, IGF-2 и MC4R

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.

Изучение комплексного влияния полиморфных вариантов генов IGF-2, POU1F1 и MC4R у хряков белорусской крупной белой породы на показатели откормочных и мясных качеств их потомства (табл. 3) показало, что различные сочетания генотипов генов IGF-2, POU1F1 и MC4R в геноме изучаемых животных оказывают определенное влияние на показатели их откормочной и мясной продуктивности.

Т а б л и ц а 2. **Продуктивность откормочного молодняка белорусской крупной белой породы в зависимости от генотипов генов POU1F1, IGF-2 и MC4R**

Генотип	Кол-во голов, л	Возраст достижения живой массы 100 кг, дни	Среднесуточный прирост, г	Затраты корма на 1 кг прироста, к. ед.	Длина туши, см	Толщина шпика, мм	Масса задней трети полутуши, кг
<i>POU1F1</i>							
CC	66	182,6±0,66**	753±5,43**	3,47±0,01**	97,5±0,05	26,6±0,19	11,7±0,02**
CD	127	188,8±0,36	704±2,59	3,58±0,01	97,9±0,05	25,7±0,10	10,5±0,02
DD	136	187,4±0,39	715±2,84	3,52±0,01	97,8±0,05	25,5±0,15	10,9±0,02
<i>IGF-2</i>							
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
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
<i>MC4R</i>							
AB	52	187,5±0,37	712±2,98	3,54±0,01	98,0±0,10	24,8±0,21	10,9±0,02
BB	277	186,7±0,32	720±2,46	3,54±0,01	97,7±0,03	25,0±0,09	10,9±0,02

** Разница с генотипом DD достоверна при $P < 0,01$.

Отмечена тенденция превосходства животных, несущих в своем геноме презумптивно предпочтительное сочетание генотипов Qq-CC-BB, по сравнению со своими аналогами с генотипами qq-CD-AB и qq-DD-AB.

Так, потомство хряков с оптимальным сочетанием генотипов Qq-CC-BB с высокой степенью достоверности ($P < 0,01$) превосходило аналогов с неблагоприятными сочетаниями генотипов qq-CD-AB и qq-DD-AB по откормочным качествам: возрасту достижения живой массы 100 кг – на 7,7–7,2%; среднесуточному приросту – на 18,0–18,6%; затратам корма – на 7,7–11,1%.

Динамика изменений среднесуточных приростов живой массы откормочного молодняка белорусской крупной белой породы в зависимости от сочетаний генотипов отражена на рис. 2.

Следует отметить, что согласно нашим исследованиям на откормочные качества в высокой степени влияет наличие в геноме животных гена инсулиноподобного фактора роста 2 (IGF-2). Так, если прирост живой массы у животных с генотипом Qq составил 798 г, то с qq – 709 г при одинаковых составах генотипов (CC и BB) генов POU1F1 и MC4R. Что касается мясных качеств, то достоверных различий между сочетаниями генотипов генов IGF-2, POU1F1 и MC4R у исследуемых животных выявлено не было.

Т а б л и ц а 3. **Результаты контрольного откорма свиней белорусской крупной белой породы в зависимости от сочетаний генотипов генов IGF-2, POU1F1 и MC4R**

Сочетание генотипов	Кол-во голов, л	Возраст достижения живой массы 100 кг, дни	Среднесуточный прирост, г	Затраты корма на 1 кг прироста, к. ед.	Длина туши, см	Толщина шпика, мм	Масса задней трети полутуши, кг
Qq-CC-BB	30	177,2±0,36**	798±3,10**	3,36±0,01**	97,6±0,04	26,9±0,06	11,1±0,01
Qq-CD-BB	28	184,0±0,50**	739±4,31**	3,49±0,01**	98,1±0,10	25,7±0,29	10,9±0,04
Qq-DD-BB	12	185,0±0,45**	737±4,16**	3,44±0,02**	98,6±0,17	26,0±0,18	11,1±0,03
qq-CC-BB	21	187,9±0,55**	709±3,65**	3,59±0,01**	96,9±0,01	28,0±0,01	11,3±0,02
qq-CD-BB	12	189,0±0,52	705±3,25	3,56±0,02	97,7±0,10	26,0±0,22	10,6±0,02
qq-DD-BB	49	190,0±0,37	695±2,61	3,60±0,01	97,6±0,13	25,0±0,27	10,8±0,01
qq-CD-AB	12	192,0±0,48	676±4,10	3,64±0,01	98,5±0,12	25,0±0,12	11,0±0,01
qq-DD-AB	10	191,0±0,35	673±2,50	3,78±0,02	97,0±0,07	27,0±0,10	11,3±0,03

** Разница с генотипами qq-CD-AB и qq-DD-AB достоверна при $P < 0,01$.

Выводы

1. Частота встречаемости в генотипах хряков белорусской крупной белой породы презумптивно предпочтительных аллелей была следующей: С гена POU1F1 – 39%; Q гена IGF-2 – 22%; В гена MC4R – 90%.

2. Откормочный молодняк, полученный от хряков, несущих в своем геноме генотипы CC гена

POU1F1, Qq гена IGF-2 и BB гена MC4R, имеет тенденцию к превосходству своих аналогов с генотипами CD и DD, AB и qq соответственно по откормочным качествам: возрасту достижения живой массы 100 кг, среднесуточному приросту живой массы и затратам корма.

3. Отмечена достоверная ($P < 0,01$) тенденция превосходства животных, несущих в своем геноме сочетание генотипов Qq-CC-BB, по откормочным качествам над своими аналогами с другими сочетаниями генотипов, при этом наиболее проявляется действие инсулиноподобного фактора роста 2 (IGF-2). Таким образом, из всех наследуемых генов можно рекомендовать проводить тестирование только по гену IGF-2. Следует также отметить, что положительное действие аллеля Q у данного гена проявляется у потомков только в случае наследования его у отца.

4. Достоверных различий между сочетаниями генотипов генов POU1F1, IGF-2 и MC4R по мясным качествам у откормочного молодняка белорусской крупной белой породы выявлено не было.

5. Закономерности, выявленные в процессе исследований, не всегда согласуются с данными литературы и требуют подтверждения на большем поголовье свиней и на других породах, однако уже на данном этапе можно предположительно рассматривать гены POU1F1, IGF-2 и MC4R как генетические маркеры скорости роста свиней белорусской крупной белой породы.

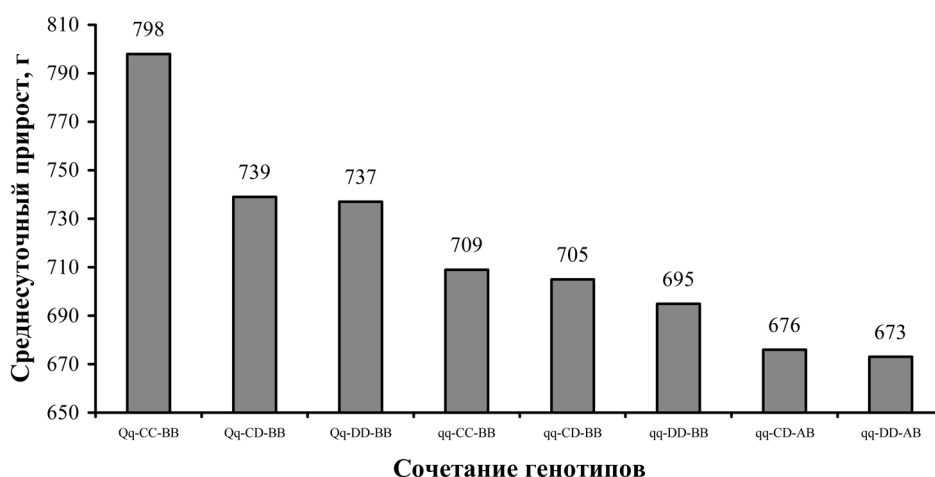


Рис. 2. Энергия роста молодняка на контрольном откорме в зависимости от сочетаний генотипов генов IGF-2, POU1F1 и MC4R

Литература

1. Зиновьева Н. А., Гладырь Е. А., Эрнст Л. К., Брем Т. Введение в молекулярную генную диагностику сельскохозяйственных животных // ВИЖ. 2002. С. 53–54.
2. Song C., Gao B., Teng Y. et al. Msp I polymorphisms in the 3rd intron of the porcine POU1F1 gene and their associations with growth performance // J. Appl. Genet. 2005. Vol. 46. N 3. P. 285–289.
3. Stanekova K., Vasicek D., Pestovicova D. et al. Effect of genetic variability of porcine pituitary – Specific transcription factor (PIT-1) on carcass trait in pigs // Anim. Genetic. 1999. Vol. 30. P. 313–315.
4. Chen M., Wang A., Fu J. Different allele frequencies of MC4R gene variants in Chinese pig breeds // Arch. Tierz., Dummerstorf. 2004. Vol. 47. N 5. P. 463–468.

N. A. POPKOV, I. P. SHEIKO, N. A. LOBAN, O. Y. VASILYK, A. S. CHERNOV

USE OF MOLECULAR GENE DIAGNOSTICS METHODS FOR IMPROVING MEAT AND FATTENING TRAITS OF BELARUSIAN BIG WHITE BREED PIGS

Summary

The influence of IGF-2, POU1F1 and MC4R gene polymorphism on fattening and meat traits of Belarusian Big White Breed pigs was studied. It is stated that the frequency of presumptive preferable alleles appearance was: C of POU1F1 gene – 39%; Q of IGF-2 gene – 22%; B of MC4R gene – 90%. Pigs with CC genotype of POU1F1 gene, Qq of IGF-2 gene, and BB of MC4R gene had a tendency to overcome its analogues on fattening traits. POU1F1, IGF-2, and MC4R genes can be considered as genetic markers of the growth speed of Belarusian Big White Breed pigs.