

живых – на 13,4 % ($P < 0,05$). Установлено снижение процента мертворожденных поросят на 4 %.

В результате изучения влияния гена на воспроизводительную функцию хряков-производителей выявлено положительное влияние аллеля PRLR^A на объем эякулята – на 27 % ($P < 0,05$) и переживаемость спермиев – на 19,5% ($P < 0,05$), увеличение концентрации спермиев на 4,8 %.

Литература

1. Шейко, И. П. Генетические методы интенсификации селекционного процесса в свиноводстве : моногр. / И. П. Шейко, Т. И. Епишко ; Ин-т животноводства Нац. акад. наук Беларуси. – Жодино, 2006. – 197 с.

2. Журина, Н. В. Применение гена эстрогенового рецептора в маркерной селекции свиней на повышение репродуктивных признаков : автореф. дисс. ... канд. с.-х. наук / Журина Н.В. – Жодино – 2007. – 21 с.

3. Rothschild, M. The estrogen receptor locus is associated with a major gene influencing litter size in pigs / M. Rothschild // J. Genetics. – 1996. – Vol. 93. – P. 201-205.

4. Short, T. H. Effect of the estrogen receptor locus on reproduction and production traits in four commercial pig lines / T. H. Short // J. Anim. Sc. – 1997. – Vol. 75, N 12. – P. 3138-3142.

5. Брэм, Г. Использование в селекции свиней молекулярной генной диагностики злокачественного гипертермического синдрома (MHS) / Г. Брэм, Б. Бренинг // Генетика. – 1993. – Т. 29, № 6. – С. 1009-1013.

6. Маниатис, Т. Молекулярное клонирование / Т. Маниатис, Э. Фрич, Дж. Сэмбрук. – М. : Мир, 1984. – 480 с

7. Меркурьева, Е. К. Генетические основы селекции в скотоводстве / Е. К. Меркурьева. – М. : Колос, 1977. – 280 с.

(поступила 4.03.2008 г.)

УДК 636.4:575.174.015.3

Т.И. ЕПИШКО, М.А. КОВАЛЬЧУК, Н.В. ЖУРИНА,
О.А. ЕПИШКО

ПОЛИГЕННЫЙ ХАРАКТЕР ДЕТЕРМИНАЦИИ ОТКОРМОЧНЫХ КАЧЕСТВ СВИНЕЙ БЕЛОРУССКОЙ МЯСНОЙ ПОРОДЫ

РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук
Беларуси по животноводству»

Введение. Интенсивная селекция на создание мясных генотипов в свиноводстве и использование пород ландрас и пьетрен привели, наряду с положительным эффектом увеличения содержания мяса в туше, к отрицательным последствиям: снижению качества мяса и появлению

пороков PSE и DFD. Считается, что одной из основных причин снижения качества мяса является увеличение частоты встречаемости подверженных стрессу животных вследствие мутации в гене RYR1. Проведенное нами ДНК-тестирование свиней различных пород выявило значительный процент предрасположенных к стрессу животных, а у пород белорусской мясной и ландрас – чувствительных к стрессу [1, 2, 3].

Установлено, что частота встречаемости мутации в гене RYR1 зависит от породной принадлежности, популяции, линии и половозрастной группы и колеблется от 0 до 30 % у чистопородных животных, достигая 80 % у помесей с участием пород ландрас и пьетрен [3].

Нами выявлено, что при несоответствии условий эксплуатации животных-носителей генотипов RYR^{Nn} и RYRⁿⁿ адаптационным возможностям, наблюдается снижение метаболических и обменных процессов (до 22 %), естественной резистентности (до 20 %), оплодотворяющей способности (до 3 %), воспроизводительной (до 11 %), откормочной (до 5-7%) и мясной (до 8-10 %) продуктивности, ухудшение качества мяса (PSE, DFD). Отмечается увеличение на 2,5 % количества мертворожденных поросят и на 3,4 % – аварийных опоросов [3].

Высокая энергия роста откормочного молодняка при производстве постной свинины привела к значительному ухудшению качества мяса, практически исчезли такие показатели, как ароматность, сочность и нежность. Одной из причин ухудшения технологических свойств свинины является резкое снижение содержания внутримышечного жира (IMF) [2, 4].

Внутримышечный жир, являющийся критерием качества мяса, связан с его вкусовыми качествами и определяет такой показатель, как мраморность мяса [1, 2].

Низкий коэффициент корреляции (0,11) показателей мраморности мяса и толщины шпика указывает на возможность проведения селекции на повышение мраморности мяса без увеличения толщины шпика. Однако из-за низкой вариабельности признака использование традиционных методов селекции не позволяет добиться значимых успехов. Решить данную проблему позволит использование в селекционном процессе генов-маркеров, детерминирующих содержание IMF, которые, в первую очередь, кодируют белки и ферменты, участвующие в обмене липидов. Это, прежде всего, белки, связывающие жирные кислоты, одним из классов которых являются белки FABP, обладающие функцией связывания длинных цепей жирных кислот [4, 5].

Наиболее часто в зарубежной селекционной практике применяют ген H-FABP, что связано не только с детерминирующим действием данного белка на качество мяса, но и регулирующим влиянием его на рост и дифференцировку тканей [4, 5, 6]. Российскими коллегами ус-

тановлено положительное влияние генотипов H-FABP^{dd} и H-FABP^{HH} на снижение толщины шпика, увеличение длины туши, скорости и энергии роста животных [1, 2].

Согласно одному из основных положений генетики, наследование количественных признаков носит полигенный характер [7]. Однако большинство исследований посвящено изучению дифференцированного влияния генов RYR1 и H-FABP на откормочную, мясную продуктивность и качество мяса свиней. Большой интерес представляет выявление влияния комплексных генотипов по данным генам на признаки продуктивности.

Нами была поставлена цель изучить полигенный характер детерминации откормочных качеств свиней, обусловленный генами RYR1 и H-FABP для разработки ДНК-маркеров как основы создания новых мясных генотипов.

Материал и методика исследований. Для выполнения поставленной цели в РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству» проведено ДНК-тестирование животных белорусской мясной породы различных популяций по генам RYR1 и H-FABP (аллельные системы H и D) методом ПЦР-ПДРФ.

Для изучения полиморфизма генов RYR1 и H-FABP (аллельные системы H и D) взяты биопробы ткани и крови свиней, разводимых в РСУП «СГЦ «Заднепровский» Витебской, РСУП «СГЦ «Западный» Брестской, РСУП «СГЦ «Заречье» Гомельской, РУСП «Заречье» и РСУП «Клевича» Минской областей. Проведено более 1530 тестов.

Ядерная ДНК выделена перхлоратным методом. Все основные растворы для выделения ДНК, амплификации и рестрикции приготовлены по Маниатису и др. (1984).

Амплификация фрагментов генов RYR1, H-FABP (аллельные системы H и D) проведена методом ПЦР. В качестве основы использована методика Брэма Г. и Бренинга Б. (1993).

Концентрация, нативность, подвижность ДНК, концентрация и специфичность амплификата, а также результаты расщепления продуктов ПЦР рестриктазами H_{in}61, H_{in}fI и HaeIII оценены электрофоретическим методом в агарозном геле, окрашенном бромистым этидием, с помощью трансиллюминатора в УФ-свете.

Для изучения ассоциации генов H-FABP и RYR1 с откормочной продуктивностью, после проведения ДНК-тестирования, сформированы опытные группы (по 10 голов каждого генотипа) и поставлены на контрольный откорм на Гродненской КИСС, который проводился согласно ОСТ-10 3-86 «Свины: Метод контрольного откорма». В ходе эксперимента были учтены возраст достижения живой массы 100 кг, среднесуточный прирост, затраты корма.

Результаты исследований и их обсуждение. В результате прове-

дения ДНК-тестирования животных белорусской мясной породы выявлен полиморфизм гена H-FABP, представленный аллельными системами H и D. Идентифицированы генотипы: H-FABP^{HH}, H-FABP^{Hh}, H-FABP^{hh}, H-FABP^{DD}, H-FABP^{Dd}, H-FABP^{dd} (таблица 1 и 2).

Таблица 1 – Генетическая структура по гену H-FABP (аллельная система H) различных популяций свиней белорусской мясной породы

Хозяйство	Частота встречаемости				
	Генотипов, %			Аллелей	
	HH	Hh	hh	H	h
РСУП «СГЦ «Заднепровский»	77,3	22,4	0,3	0,85	0,15
РСУП «СГЦ «Западный»	47,7	53,3	-	0,73	0,27
РУСП «Заречье» Минской обл.	43,5	43,5	13,0	0,65	0,35
РСУП «СГЦ «Заречье» Гомельской обл.	53,3	40,0	6,7	0,73	0,27
ЗАО «Клевица»	67,3	30,9	1,8	0,83	0,17
В среднем по породе:	65,1	32,1	2,8	0,79	0,21

Таблица 2 – Генетическая структура по гену H-FABP (аллельная система D) различных популяций свиней белорусской мясной породы

Хозяйство	Частота встречаемости				
	Генотипов, %			Аллелей	
	DD	Dd	dd	D	d
РСУП «СГЦ «Заднепровский»	10,0	39,9	50,1	0,30	0,70
РСУП «СГЦ «Западный»	6,7	60,0	33,3	0,37	0,63
РУСП «Заречье» Минской обл.	20,8	44,4	34,7	0,43	0,57
РСУП «СГЦ «Заречье» Гомельской обл.	25,0	50,0	25,0	0,50	0,50
ЗАО «Клевица»	9,1	47,3	43,6	0,33	0,67
В среднем по породе:	12,7	45,2	42,1	0,35	0,65

Установлено, что в среднем по белорусской мясной породе частота встречаемости животных с генотипом H-FABP^{HH} составила 65,1 % и изменялась в зависимости от популяции от 43,5 % в РСУП «Заречье» Минской области до 77,3 % в РСУП «Заднепровский». Во всех изучаемых популяциях частота встречаемости животных с генотипом H-FABP^{hh} была низкой и составила 2,8 %, причем наибольшей величиной характеризовалась популяция РУСП «Заречье» Минской области – 13%.

Анализ полиморфизма гена H-FABP аллельной системы D выявил, что концентрация аллелей H-FABP^d и H-FABP^D в среднем по белорусской мясной породе составила 0,35 и 0,65 соответственно, а встречае-

мость генотипов Н-FABP^{DD}, Н-FABP^{Dd} и Н-FABP^{dd} – 12,7 %, 45,2 и 42,1 % соответственно.

Причем, частоты встречаемости аллелей и генотипов у животных также изменялись в зависимости от популяции. Наиболее высокой концентрацией генотипа Н-FABP^{dd} и аллеля Н-FABP^d характеризовалась популяция из РСУП «СГЦ «Заднепровский» – 50,1 и 0,70 % соответственно. Встречаемость животных с гетерозиготным генотипом Н-FABP^{Dd} колебалась от 39,9 до 60,0 %.

Очевидно, что размах изменчивости генетической структуры по аллельным системам Н и D гена Н-FABP у белорусской мясной породы на межпопуляционном уровне характеризует интенсивность и направленность селекционных процессов на увеличение мясной продуктивности в данных хозяйствах.

Согласно данным научной литературы [2], одной из основных доминирующих причин снижения качества мяса является рост частот встречаемости подверженных стрессу животных, вызванный мутацией в гене RYR1.

Проведенное нами ДНК-тестирование животных белорусской мясной породы выявило значительный процент предрасположенных к стрессу животных, который в среднем по породе составил 20,5 %, причем в популяции РСУП «СГЦ «Заднепровский» диагностированы животные с генотипом RYR1ⁿⁿ (таблица 3). Концентрация аллеля RYR1ⁿ в гетерозиготной форме колебалась от 0 (в РСУП «СГЦ «Заречье» Гомельской области) до 0,120 (в РСУП «СГЦ «Заднепровский»), а встречаемость таких генотипов составила 0-22,2%. Высокая частота аллеля RYR1ⁿ в популяции свиней РСУП «СГЦ «Заднепровский» вызвана использованием вводного скрещивания немецкого ландраса. Низкой частотой встречаемости мутации в гене RYR1 характеризовалась популяция РСУП «СГЦ «Западный» (6,7 %).

Таблица 3 – Генетическая структура по гену RYR1 различных популяций свиней белорусской мясной породы

Хозяйство	Частота встречаемости				
	Генотипов, %			Аллелей	
	NN	Nn	nn	N	n
РСУП «СГЦ «Заднепровский»	77,3	22,2	0,5	0,88	0,12
РСУП «СГЦ «Западный»	93,3	6,7	-	0,97	0,03
РУСП «Заречье» Минской обл.	89,5	10,5	-	0,95	0,05
РСУП «СГЦ «Заречье» Гомельской обл.	100	-	-	1,00	-
ЗАО «Клевица» Минской	90,9	9,1	-	0,95	0,05
В среднем по породе:	79	20,5	0,5	0,90	0,10

Совершенно очевидно, что выявленный уровень полиморфизма гена RYR1 у белорусской мясной породы не является постоянным и изменяется в зависимости от популяции, а также зависит от интенсивности и направленности отбора. Полученные результаты свидетельствуют о необходимости проведения ДНК-тестирования племенных и импортируемых животных.

Согласно полученным нами данным наличие мутации в гене RYR1ⁿ приводит к снижению откормочной и мясной продуктивности, а также ухудшению качества мяса и его технологических свойств [6].

Использование в селекции генов-маркеров RYR1 и H-FABP позволит устранить негативные последствия и улучшить качество мяса свиней. Представляет интерес изучение комплексного влияния данных генов на показатели продуктивности (таблица 4).

Таблица 4 – Генетическая структура белорусской мясной породы свиней по генам RYR1 и H-FABP (аллельная система H и D)

RYR1 и H-FABP (аллельная система H)		RYR1 и H-FABP (аллельная система D)	
Комплексные генотипы (n = 304)	Частота встре- чаемости генотипов, %	Комплексные генотипы (n = 344)	Частота встре- чаемости генотипов, %
RYR1 ^{NN} H-FABP ^{HH}	47,4	RYR1 ^{NN} H-FABP ^{DD}	11,3
RYR1 ^{NN} H-FABP ^{Hh}	23,7	RYR1 ^{NN} H-FABP ^{Dd}	32,8
RYR1 ^{NN} H-FABP ^{hh}	3,3	RYR1 ^{NN} H-FABP ^{dd}	30,8
RYR1 ^{Nn} H-FABP ^{HH}	18,1	RYR1 ^{Nn} H-FABP ^{DD}	1,8
RYR1 ^{Nn} H-FABP ^{Hh}	6,9	RYR1 ^{Nn} H-FABP ^{Dd}	8,7
RYR1 ^{Nn} H-FABP ^{hh}	0,3	RYR1 ^{Nn} H-FABP ^{dd}	14,2
RYR1 ^{Nn} H-FABP ^{HH}	0,3	RYR1 ⁿⁿ H-FABP ^{dd}	0,3

Анализ распределения частот комплексных генотипов RYR1 H-FABP в белорусской мясной породе выявил, что наибольший удельный вес занимают животные с генотипами: RYR1^{NN}H-FABP^{HH}, RYR1^{NN}H-FABP^{Hh}, RYR1^{Nn}H-FABP^{HH}, RYR1^{NN}H-FABP^{Dd}, RYR1^{NN}H-FABP^{dd} и RYR1^{Nn}H-FABP^{dd}, частоты встречаемости которых составили 47,4 %, 23,7, 18,1, 32,8, 30,8 и 14,2 % соответственно. Необходимо отметить, что наиболее часто встречающимися комбинациями генотипов H-FABP (аллельная система H и D) с мутацией в гене RYR1 являются RYR1^{Nn}H-FABP^{HH} (18,1%) и RYR1^{Nn}H-FABP^{dd} (14,2%).

Для установления индивидуального и комплексного влияния генов RYR1 и H-FABP на проявление продуктивных качеств нами изучена ассоциация полиморфизма данных генов с откормочной продуктивностью молодняка, разводимого в РУСП «Заречье» Минской обл. (таблицы 5, 6, 7).

Таблица 5 – Показатели откормочной продуктивности молодняка белорусской мясной породы различных генотипов по гену H-FABP

Генотип	Возраст достижения массы 100 кг, дней	Среднесуточный прирост, г	Затраты корма на 1 кг прироста, к.ед.
НН	189,6 ±1,2*	711 ±8,8	3,70 ±0,07
Hh	193,4 ±1,5	697 ±7,1	3,74 ±0,05
hh	194,2 ±2,0	723 ±33,3	3,84 ±0,22
DD	193,4 ±1,5	718 ±19,6	3,74 ±0,13
Dd	193,1 ±1,4	691 ±7,1	3,78 ±0,06
dd	189,1 ±1,3 ^x	716 ±8,8 ^x	3,68 ±0,07

Примечание: разница с показателями животных генотипа Hh достоверна при *P<0,05; с показателями генотипа Dd достоверна при ^xP<0,05

Установлено, что наиболее высокими показателями скорости роста характеризовался откормочный молодняк с генотипом H-FABP^{HH} и H-FABP^{dd} (189,6 и 189,1 дней соответственно) в сравнении с животными генотипа H-FABP^{Hh} и H-FABP^{Dd} (разница составила 3,8 и 3,9 дня). Животные генотипа H-FABP^{dd} наряду с высокой скоростью отличались и более высокой энергией роста (716 г) и низкими затратами корма (3,68 к. ед.), что превышало аналогичные показатели у животных генотипа H-FABP^{Dd} на 25 г и 0,1 к. ед. соответственно.

Изучение комплексного влияния генов RYR1 и H-FABP (аллельная система H) на показатели откормочной продуктивности молодняка белорусской мясной породы свиней выявило положительные ассоциации с рядом признаков (таблица 6). Так, наиболее высокими показателями скорости роста характеризовались животные с комплексными генотипами RYR1^{NN} H-FABP^{Hh} и RYR1^{NN} H-FABP^{dd}, у которых данные показатели были выше на 4,8 и 5,1 дня (P<0,05) в сравнении с животными генотипов RYR1^{NN} H-FABP^{Hh} и RYR1^{NN} H-FABP^{DD} соответственно.

У животных с генотипом RYR1^{NN} H-FABP^{dd} наблюдалось превосходство показателей энергии роста и затрат корма на 1 кг прироста на 31 г и на 0,13 к. ед. соответственно, в сравнении с подсвинками генотипа RYR1^{NN} H-FABP^{Dd}.

Таблица 6 – Показатели откормочной продуктивности молодняка белорусской мясной породы различных генотипов по генам RYR1 и H-FABP

Генотип	Возраст достижения массы 100 кг, дней	Среднесуточный прирост, г	Затраты корма на 1 кг прироста, к. ед.
NNHH	189,4 ±1,4*	712 ±10,1	3,71 ±0,08
NNHh	194,3 ±1,9	691 ±9,3	3,78 ±0,07
NNhh	194,2 ±2,0	723 ±33,3	3,84 ±0,22
NnHh	191,2 ±1,8	710 ±6,9	3,64 ±0,04
NNDD	194,0 ±1,6	716 ±21,7	3,77 ±0,14
NNDd	193,5 ±1,7	687 ±8,9	3,81 ±0,08
NNdd	188,9 ±1,5 ^x	718 ±10,2	3,68 ±0,08
NnDd	191,8 ±2,3	704 ±2,0	3,67 ±0,01

Примечание: разница с показателями животных генотипа RYR1^{NN}H-FABP^{Hh} достоверна при *P<0,05; с показателями животных генотипа RYR1^{NN}H-FABP^{DD} достоверна при ^xP<0,05

Изучено комплексное влияние генов и RYR1 H-FABP (аллельные системы H и D) на формирование признаков откормочной продуктивности (таблица 7).

Таблица 7 – Показатели откормочной продуктивности молодняка белорусской мясной породы различных генотипов по генам RYR1 и H-FABP

Генотип	Возраст достижения массы 100 кг, дней	Среднесуточный прирост, г	Затраты корма на 1 кг прироста, к. ед.
NNHHdd	188,9 ±1,5*	718 ±10,2*	3,68 ±0,08
NNHHDd	192,5 ±2,5	674 ±16,0	3,91 ±0,37
NNHhDD	194,0 ±1,5	705 ±3,4	3,64 ±0,02
NNHhDd	194,3 ±2,5	685 ±12,9	3,84 ±0,10
NnHhDd	191,8 ±2,3	704 ±2,0	3,67 ±0,01

Примечание: разница с показателями животных генотипа RYR1^{NN}H-FABP^{HH}H-FABP^{Dd} достоверна при *P<0,05

Установлено, что наиболее высокими показателями возраста достижения живой массы 100 кг (188,9 дня), среднесуточного прироста (718 г) и затрат корма на 1 кг прироста (3,68 к. ед.) отличались животные с генотипом RYR1^{NN}H-FABP^{HH}H-FABP^{dd} и превосходили сверстников с генотипом RYR1^{NN}H-FABP^{HH}H-FABP^{Dd} на 3,6 дня, 44 г и 0,23

к. ед. соответственно.

Заключение. 1. Установлено увеличение показателей откормочной продуктивности у животных белорусской мясной породы с генотипами Н-FABP^{HH} и Н-FABP^{dd}.

2. Выявлена закономерность увеличения показателей возраста достижения живой массы 100 кг (188,9 дня), среднесуточного прироста (718 г) и затрат корма на 1 кг прироста (3,68 к. ед.) у животных с генотипом RYR1^{NN}Н-FABP^{HH}Н-FABP^{dd}, которые превосходили сверстников с генотипом RYR1^{NN}Н-FABP^{HH}Н-FABP^{Dd} на 3,6 дня, 44 г и 0,23 к. ед. соответственно.

3. Установленные закономерности увеличения показателей откормочной продуктивности до 5 % свидетельствуют о возможности использования данных генотипов в качестве маркеров при селекции свиней на повышение скорости и энергии роста.

Литература

1. Арсиенко, Р. Ю. Полиморфизм гена белка, связывающего жирные кислоты (Н-FABP), и его влияние на хозяйственно-полезные признаки свиней : автореф. дисс. ... канд. биол. наук : 03.00.23 / Арсиенко Р.Ю. – Дубровицы, 2003. – 20 с.
2. Зиновьева, Н. А. Проблемы биотехнологии и селекции сельскохозяйственных животных / Н. А. Зиновьева, Л. К. Эрнст. – Дубровицы, 2006. – 326 с.
3. Шейко, И. П. Генетические методы интенсификации селекционного процесса в свиноводстве / И. П. Шейко, Т. И. Епишко. – Жодино, 2006. – 197 с.
4. Gerbens, F. Genetic control of intramuscular fat accretion / F. Gerbens // Muscle development of livestock animals: physiology, genetics and meat quality. – 2004. – P. 343-362.
5. The effect of adipocyte and heart fatty acid-binding protein genes on intramuscular fat and backfat content in Meishan crossbred pigs / F. Gerbens [et al.] // J. Anim. Sci. – 2000. – Vol. 78(3). – P. 552-559.
6. A QTL for intramuscular fat and backfat thickness is located on porcine Chromosome 6 / C. Ovilo [et al.] // Mammalian Genome. – 2000. – Vol. 11, N 4. – P. 344-346.
7. Сердюк, Г. Н. Иммуногенетика свиней: теория и практика / Г. Н. Сердюк. – СПб : Лекс-Стар, 2002. – 390 с.

(поступила 11.03.2008 г.)