

Генетичні методи поліпшення продуктивності свиней

С.Л.Войтенко, доктор сільськогосподарських наук

Л.В.Вишневецький

Інститут розведення і генетики тварин УААН

Наведені результати досліджень по визначення генетичної подібності тварин з використанням методу ДНК-технології та розробки плану підбору з урахуванням величини коефіцієнту. Установлено позитивний вплив гомогенного підбору тварин з коефіцієнтом подібності 0,5-0,69 на збільшення показників багатоплідності, збереженості, маси гнізда поросят та однієї голови при відлученні у свиноматок миргородської породи. Поєднання тварин за вищого показнику коефіцієнта подібності приводить до суттєвого зниження відтворної здатності.

Сучасні методи розведення спрямовані на отримання потомства від високопродуктивних тварин за рахунок використання спеціалізованих генотипів зарубіжної селекції без урахування їх адаптивних властивостей та поширення у них генів-носіїв спадкових аномалій з певними негативними наслідками. За таких обставин пошук високопродуктивних тварин неможливий без застосування сучасних генетичних технологій.

Відкриття останніх років в області ДНК-технологій слугують підґрунтям для створення принципово нових підходів у селекції сільськогосподарських тварин, у тому числі, і свиней. До основних напрямків цієї роботи відноситься пошук та використання ДНК-маркерів, що позначають окремі господарськи корисні ознаки, виявляють точкові мутації і дають змогу прогнозувати їх прояв [3, 5, 7].

Науковими дослідженнями доведено можливість прижиттєвого формування якісного і кількісного складу м'яса забійних тварин, у тому числі вмісту і співвідношення окремих його компонентів, а також морфологічного складу туші. Уже зараз виявлено ряд генів, які достеменно впливають на показники продуктивності тварин та якісні характеристики м'яса [1].

Виявлення у тварин HAL – галотанового гену дає змогу на 2 % підвищити вихід м'язової тканини, але одночасно приводить до утворення так званого пороку м'яса PSE, при чому ознака PSE є домінантною [6].

ДНК-діагностика свиней великої білої і миргородської порід не виявила присутності гена мутантного алеля RYR-1, тоді як у полтавській м'ясній породі концентрація його склала 21,05 відсотка. Різниця в результатах діагностики стресочутливих тварин, проведених галатановим і ДНК-тестом, знаходилась на рівні 8% [2].

В обмеженій популяції свиней, якою є на сучасному етапі розвитку галузі свинарства миргородська порода, урахування закономірностей геному в процесі спрямованого відбору, виявлення генетичних маркерів та взаємовідносин між генеалогічними групами породи дозволить вирішити ряд прикладних задач селекції, у тому числі, і збереження генофонду зникаючої популяції [8,4].

Мета роботи – визначення генетичної подібності тварин з використанням ДНК- технології та ефективності підбору кнурів і свиноматок з урахуванням коефіцієнту подібності.

Матеріали і методи досліджень. Визначення генетичної подібності тварин миргородської породи проводили за допомогою методу ДНК-типуювання. Виділення ДНК проводили за допомогою сорбентного методу з використанням реагенту Chelex -100, відповідно протоколу фірми Promega [9]. Отримані дані статистично оброблені за допомогою стандартних комп'ютерних програм Gelstats і Trees. В обробку ввійшли результати 126 поєднань кнурів і свиноматок.

Піддослідні групи сформували у залежності від генетичної подібності між тваринами. За основу взято показник коефіцієнту подібності від 0,5 до 0,9 з інтервалом градації 0,1 і в цих межах проаналізовано показники багатоплідності, кількості поросят, середньої маси однієї голови та маси гнізда поросят при відлученні у 45 днів. У контрольній групі проводився

індивідуальний підбір кнурів і свиноматок без урахування коефіцієнту подібності.

Результати досліджень. Аналіз генетичної подібності тварин різних заводських ліній та родин миргородської породи племзаводу ім.Декабристів Полтавської області, проведений з використанням генетичного маркування, дав змогу встановити відмінності особин на індивідуальному рівні та узагальнити дані у межах ліній і родин.

На підставі одержаних результатів оцінки подібності кнурів лінії Ловчика із свиноматками 9 родин встановлено, що показник коефіцієнту змінюється від 0,863 до 0,431. При цьому різниця між конкретним кнуром і одними й тими ж свиноматками не залежить від спадкової основи, а, отже, тварини характеризуються специфічністю генотипу, що потрібно враховувати при внутріпородному підборі для запобігання стихійного інбридингу.

Аналіз величини коефіцієнта подібності між кнурами лінії Швидкого та досліджуваними свиноматками вказує на більш суттєвий діапазон показника. У цілому коефіцієнт подібності між Швидким 627 та 21 свиноматкою має межі 0,747 – 0,431, при цьому найбільш подібними у генетичному відношенні виявилось тільки 38,1% поєднань. Коливання показнику між іншим представником даної лінії, Швидким 623 і досліджуваними свиноматками має значно ширший діапазон – 0,822-0,444. Дослідженнями також встановлено, що генетична подібність між Швидким 627 і 623, які є сибсами, з одними і тими ж свиноматками різна.

Коефіцієнт генетичної подібності між представниками лінії Коханого та свиноматками різних родин має тенденцію попередніх поєднань – відсутність чіткої закономірності при межах показнику 0,863-0,441.

Згідно з одержаними результатами, у дослідженнях не встановлено єдиної закономірності при оцінці генетичної подібності кнурів, віднесених до однієї лінії, при поєднанні із свиноматками відповідної родини, що дає змогу зробити висновок не тільки про різницю генеалогічних ліній та родин

породи, але і окремих тварин в межах тієї чи іншої лінії або родини. Подібна закономірність характерна для кожної проаналізованої родини породи і може бути пояснена залученням у селекційний процес кнурів різних ліній, тобто використанням внутріпородних кросів, у результаті чого свиноматки хоча і належать до однієї родини, але мають різну спадкову основу родоначальника і різний генотип. Крім того, у стадах непоодинокі випадки порушення зоотехнічного та племінного обліку і, як результат, присутність тварин з однаковими номерами, але різним походженням.

— Розведення тварин у закритій популяції, що має місце в племзаводі ім. Декабристів Полтавської області, звужує різноманітність тварин за генотипом. Підтвердженням присутності у селекційному стаді значної кількості тварин, генетична подібність яких досить висока, слугує діаграма, представлена на рис.1.

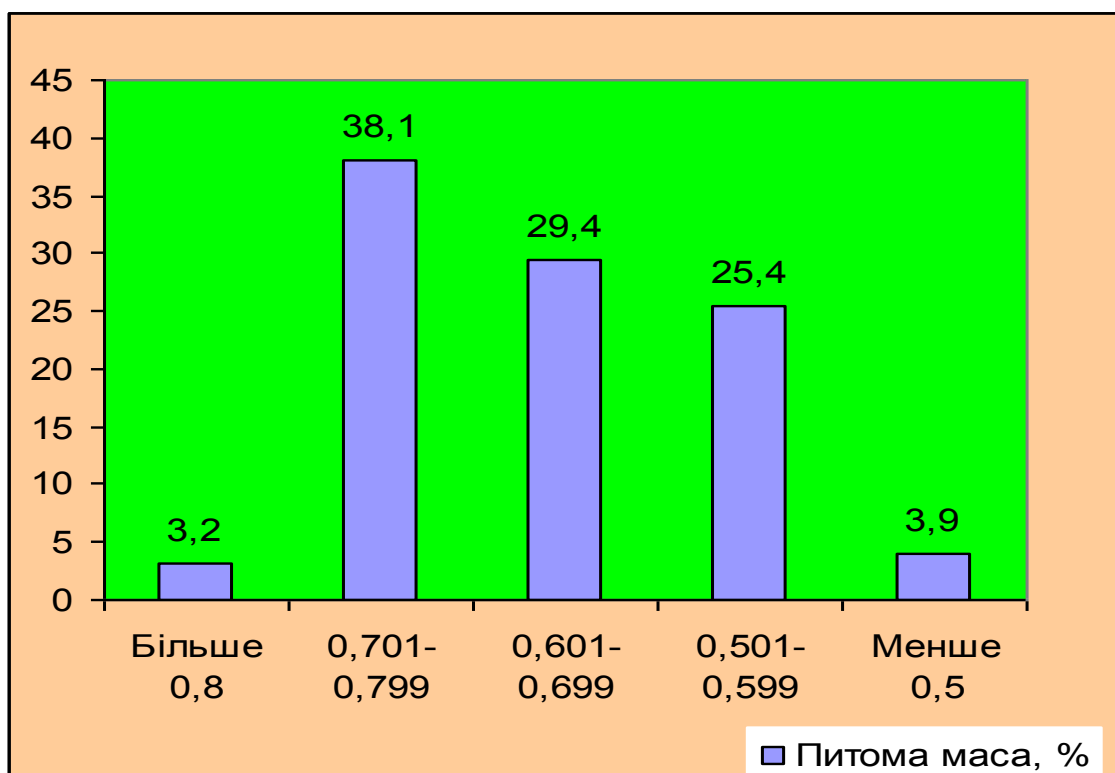


Рис. 1. Розподіл тварин за коефіцієнтом подібності (%)

Індивідуальний підбір тварин з урахуванням коефіцієнту подібності дав змогу виявити його вплив на показники відтворювальної здатності свиноматок. За результатами досліджень встановлено, що свиноматки II групи, які були спаровані з кнурами за високого коефіцієнта подібності (0,8 -0,89), мали найнижчу багатоплідність, збереженість та масу гнізда поросят при відлучення як у порівнянні з тваринами контрольної, так і решти дослідних груп (табл.1). Висока генетична подібність між поєднуваними тваринами (II група) знижує на 1,4 голови багатоплідність у порівнянні з підбором кнурів і свиноматок, у яких не враховувалась схожість (I група), та на 1,4-2,4 голови у порівнянні з дослідними групами, що мали меншу подібність між батьками (0,5-0,79). Негативний вплив високої генетичної подібності при поєднанні кнурів і свиноматок на якість нащадків проявляється у зменшенні кількості поросят до відлучення на 1,8-2,5 голів у порівнянні з тваринами III-У дослідних груп і у відповідному зменшенні живої маси гнізда поросят при відлученні на 17,6-36,4 кг.

1. Відтворна здатність свиноматок у залежності від генетичної схожості

Під дослі дні групи	Коефіцієнт подібності	к-сть тва рин, гол.	Багатоплід ність, гол.	к-сть поросят у 45 днів, гол.	маса гнізда поросят у 45 днів, кг	середня маса 1 гол. при відлученні, кг
I	-	7	9,7± 0,76	9,1±0,38	84,6±10,77	9,2±1,18
II	0,8-0,89	3	8,3±0,57	7,3±0,58	71,8±3,40	9,8±1,16
III	0,7-0,79	7	9,7±0,76	9,1±0,90	89,4±10,30	9,8±0,85
IV	0,6-0,69	6	10,7±2,58	9,8±1,72	108,2±19,93**	11,0±0,74*
V	0,5 -0,59	4	10,3±1,26	9,3±0,50	92,8±21,16	10,0±1,71

Примітка: * P > 0,95; *** P > 0,99

Тварини контрольної групи, підбір яких відбувався за традиційно прийнятих селекційних методів, без урахування генетичної подібності, переважали за багатоплідністю, кількістю поросят та масою гнізда поросят при відлученні тільки свиней II дослідної групи, мали показники відтворної здатності на рівні результатів III дослідної групи, але значно поступались тваринам IV-V дослідних груп.

За результатами досліджень, найбільш ефективним для підвищення показників відтворної здатності є підбір тварин, коефіцієнт подібності яких знаходиться в межах 0,6-0,69. Поєднання тварин за такої генетичної подібності дає змогу одержати на 0,4-2,4 голів більше поросят при народженні у порівнянні з тваринами контрольної та решти дослідних груп і, відповідно, зберегти більше на 0,6-2,5 поросят до відлучення. Підбір кнурів і свиноматок з таким коефіцієнтом подібності підвищує показники маси гнізда та однієї голови при відлученні, у порівнянні з іншими варіантами підбору, відповідно, на 15,4-36,4 кг та 0,8 -1,0 кг. Дещо нижчий, але позитивний результат на підвищення показників відтворної здатності можливо одержати при використанні підбору кнурів і свиноматок з коефіцієнтом подібності на рівні 0,5-0,59. Одержані показники продуктивності хоча і дещо нижчі у

порівнянні з тваринами IV дослідної групи, але значно перевищують результати контрольної та II-III дослідних груп.

Високовірогідний позитивний зв'язок між показниками відтворної здатності встановлено для тварин III, IV та V дослідних груп. Підбір тварин, з коефіцієнтом подібності 0,5-0,79 взаємоузгоджує багатоплідність з кількістю поросят та масою гнізда при відлученні в одному напрямку, тобто кількість поросят і жива маса гнізда при відлученні залежать від кількості тварин при народженні, коефіцієнт кореляції яких у III-V групах має межі, відповідно, $r = +0,81 - 0,93$ та $r = +0,71 - 0,77$. Низькі, або негативної дії, коефіцієнти кореляції показників відтворної здатності одержані у тварин контрольної та II дослідної груп.

Висновки. Таким чином, результати визначення впливу генетичної подібності тварин на їх подальшу продуктивність, у даному випадку відтворну здатність, вказують на ефективність і доцільність впровадження генетичних методів для підвищення продуктивності тварин.

Підбір батьківських пар для відтворення поголів'я, без урахування коефіцієнту подібності створює загрозу використання інбредних особин та знижує продуктивність. Найбільш оптимальним варіантом гомогенного підбору кнурів і свиноматок миргородської породи слід вважати такий, коли коефіцієнт подібності становить 0,5 - 0,69. Не бажано використовувати підбір тварин з коефіцієнтом подібності 0,7-0,79 та без його урахування і вважати таким, що негативно впливає на відтворну здатність, підбір тварин з коефіцієнтом подібності у межах 0,8-0,89.

Бібліографія

1. Анализ генных карт свиней. / П. Кленовицкий, Н.Марзанов, В.Гусев [и др.] // Свиноводство. – 2002. – № 3. – С. 5.
2. Балацкий В. Генная диагностика гипертермического синдрома в популяциях свиней разных генотипов / В.Балацкий, Е. Метлицкая, А.Биндюг // Свиноводство. – 2000. – № 6. – С. 8-10.

3. Введение в молекулярную генную диагностику сельскохозяйственных животных. / Н.А. Зиновьева, Е.А. Гладырь, Л.К.Эрнст [и др.] // Научные труды ВИЖ.- М., 2002 .- С. 53-56.

4. Використання ДНК-технологій для оптимізації селекційного процесу в малочисельних популяціях свиней / С.Л. Войтенко, О.І. Метлицька, Л.В. Вишневський [та ін.] // Вісник Полтавської державної аграрної академії .- 2007.- № 2 .- С. 92 -95.

5. Зиновьева Н.А. Перспективы использования молекулярной генной диагностики сельскохозяйственных животных / Н.А. Зиновьева, Е.А. Гладырь // Материалы межд. практической конференции «ДНК-технологии в клеточной инженерии и маркирование признаков сельскохозяйственных животных.-Дубровицы,2001.-С. 44-49.

6. Лисицын А. Б. Прижизненная оптимизация качества мяса животных / Лисицын А. Б., Чернуха И. М. // Зоотехния. – 2003. – № 10. – С. 29

7. Лобан Н.А. Влияние генотпа хряков крупной белой породы по эстрогеновому гену-рецептору на продуктивность свиноматок./ Н.А. Лобан, О.Я. Василюк, Д.С. Драбинович // Сб. научных трудов «Зоотехническая наука Беларуси».- Минск,2002 .-Т.38 .-С.73-76.

8. Метлицька О.І. Ефективність генетичної паспортизації порід свиней із застосуванням ISSR-PCR маркерів /О.І.Метлицька, В.М. Балацький, М.,М. Оніщенко //Вісник Полтавської державної аграрної академії .- 2005.-№3.- С.39-42

9. Rapid DNA purification for Hal gene PCR diagnosis in porcine tissues and extension to other meat species / R. Claude, A. Serge, A. Haude [et.al.] // Meat Science .-1997 .- Vol.45.- N1.- P .- 17-22.