

Гены RYR1, ESR и H-FABP в селекции свиней

Руслан ШЕЙКО, доктор сельскохозяйственных наук, профессор
Институт генетики и цитологии НАН Беларуси
Ирина КАЗАРОВЕЦ
Белорусский ГАТУ

DOI: 10.25701/ZZR.2020.61.63.018

За минувшее десятилетие использование традиционных методов селекции в свиноводстве позволило повысить показатели продуктивности животных не более чем на 5%, и не всегда этому сопутствовало улучшение качества свинины. В последнее время одним из основных направлений в селекционном процессе стал поиск и использование ДНК-маркеров, позволяющих маркировать отдельные хозяйственно полезные признаки, обнаруживать точечные мутации и прогнозировать их проявление.

Маркирование признаков на уровне генотипа, наряду с применением классических методов селекции, позволило селекционерам стран с развитым свиноводством значительно повысить эффективность селекционного процесса и достигнуть существенных результатов в создании устойчивых к стрессам пород, линий и стад свиней, а также улучшить продуктивность животных.

В отличие от свинокомплексов стран Западной Европы на предприятиях Беларуси и России, как правило, содержат большое поголовье свиней на ограниченной территории. При этом необходима особая система разведения. Животные должны соответствовать жестким технологическим требованиям, быть высокопродуктивными, отличаться хорошими адаптационными способностями и устойчивостью к заболеваниям. Многие ученые отмечают, что в одних и тех же природно-климатических условиях свиньи разных пород реализуют свой генетический потенциал неодинаково. Высокая резистентность стада, породы или популяции животных ценится не меньше, чем отличная продуктивность.

Мы поставили перед собой задачу отработать селекционные приемы

формирования финальных родительских групп свиноматок (F_1), характеризующихся хорошими адаптационными способностями. Исследования провели на базе РДУП «ЖодиноАгроПлемЭлита» и СПЦ «Заднепровский» (Республика Беларусь) на животных пород белорусская крупная белая (БКБ), белорусская мясная (БМ), ландрас (Л), йоркшир (Й) и их помесей.

По принципу аналогов с учетом возраста, живой массы и происхождения свиней сформировали контрольные и опытные группы по 30 голов в каждой. В контрольные группы вошли чистопородные и помесные животные белорусской селекции (БКБ × БКБ), (БМ × БМ) и (БКБ × БМ), в опытные группы — чистопородные и помесные свиньи датской селекции (Л × Л), (Й × Й), (Л × Й) и (Й × Л).

Опыт селекционеров разных стран свидетельствует об эффективности использования в свиноводстве ДНК-технологий, позволяющих вести селекцию на уровне генома, осуществлять отбор селекционного материала с предпочтительными генотипами, определяющими высокую продуктивность и устойчивость к наследственным и инфекционным заболеваниям. Поэтому на третьем этапе исследования мы провели молекулярно-гене-

тическое тестирование родительских свинок (F_1) и молодняка.

Репродуктивные признаки — одни из наиболее важных в селекции свиней. Их воспроизводство имеет ряд особенностей, таких как многоплодие и необходимость выкармливания большого количества поросят, способность к которому обусловлена сложными гуморальными и физиологическими процессами. Для повышения плодовитости используют отбор по фенотипу, однако в силу низкой наследуемости воспроизводительных качеств, ограничений по полу и продолжительного интервала между поколениями этот метод недостаточно действенный. Применение генетических маркеров продуктивности на третьем этапе селекционного процесса позволяет увеличить генетический потенциал пород свиней и повышает эффективность селекционной работы.

По результатам тестирования животных мы определили генетическую структуру различных генотипов по локусу гена RYR1 и идентифицировали следующие генотипы свиней: RYR1^{NN} — стрессоустойчивые носители, гетерозиготная форма генотипа RYR1^{Nn} — стрессоустойчивые скрытые носители, гомозиготная форма генотипа RYR1ⁿⁿ — чувствительные к стрессу носители (табл. 1).

В генетической структуре генотипов по локусу гена RYR1 концентрация стрессоустойчивых носителей аллелей RYR1^{NN} достигала 0,78–0,91, стрессоустойчивых скрытых носителей RYR1^{Nn} — 0,09–0,22, а чувствительных к стрессу носителей гена RYR1ⁿⁿ не выявлено, что говорит об отсутствии необходимости в проведении полно-

Таблица 1

Генетическая структура различных генотипов свиней по локусу гена RYR1

Генотип	Количество голов	Частота встречаемости			Концентрация аллелей	
		NN	Nn	nn	N	n
<i>Контрольные группы</i>						
БКБ × БКБ	72	82	18	—	0,91	0,09
БМ × БМ	65	80	20	—	0,88	0,12
БКБ × БМ	68	80	20	—	0,9	0,1
<i>Опытные группы</i>						
Й × Й	70	76	24	—	0,88	0,12
Л × Л	75	72	27	1	0,78	0,22
Й × Л	62	74	26	—	0,87	0,13
Л × Й	48	73	27	—	0,85	0,15

Таблица 2

Многоплодие и масса гнезда при отъеме в зависимости от генотипа по гену ESR

Генотип по гену ESR	Сочетание генотипов						
	БКБ × БКБ	БМ × БМ	БКБ × БМ	Й × Й	Л × Л	Й × Л	Л × Й
<i>Многоплодие, гол.</i>							
ESR ^{AA}	11,4	10,6	10,9	11,7	11,8	12,3	12,1
ESR ^{AB}	11,8	10,9	11,2	12,2	12,3	12,5	12,3
ESR ^{BB}	12,1	11,2	11,5	12,5	12,6	12,9	12,5
<i>Масса гнезда при отъеме, кг</i>							
ESR ^{AA}	104,9	92,8	101,9	106,8	105	114,7	105,8
ESR ^{AB}	106,2	94	102,4	109,7	106,9	117,6	110,4
ESR ^{BB}	112,3	94,3	107,2	113,5	111,2	120,4	112,9

масштабной молекулярной генной диагностики чувствительности к стрессу свиноматок пород йоркшир и ландрас. Чтобы исключить появление восприимчивых животных, достаточно обследовать используемых и ремонтных хряков.

Наиболее тесной ассоциацией с репродуктивными признаками обладает ген эстрогенового рецептора ESR. Он кодирует альфа-рецептор гормонов эстрогенов, которые участвуют в регуляции активности репродуктивной системы самок. Как подчеркивает в своих работах О.А. Епишко, полиморфизм гена ESR связан с несколькими нуклеотидными заменами в районе третьего экзона.

Выявлено, что ген ESR у животных контрольных и опытных групп представлен двумя аллелями А и В. Установлено наличие трех генотипов: АА, АВ и ВВ (табл. 2).

Анализ данных показывает, что свиноматки генотипа ESR^{BB} всех породных сочетаний превосходили по многоплодию аналогов генотипов ESR^{AA} и ESR^{AB}. В контрольных группах показатели животных ESR^{BB} были выше показателей свиноматок генотипа ESR^{AA} на 0,6–0,7 головы, или на 6–6,1%, генотипа ESR^{AB} — на 0,3 головы, или на 2,5%. В опытных группах разница со-

ставила соответственно 0,4–0,8 головы, или 3,3–7%, и 0,2–0,4 головы, или 1,6–3,2%. Это позволяет выделить аллель ESR^{BB} как предпочтительную, а аллель ESR^{AB} — как желательную для дальнейшей селекции.

Аналогичная закономерность выявлена и при анализе значений массы гнезда при отъеме с учетом генотипа по гену ESR. Установлено, что наибольшей массой гнезда при отъеме характеризовались свиноматки контрольных и опытных групп с гомозиготным генотипом ESR^{BB}, свиноматки с гетерозиготным генотипом ESR^{AB} занимали промежуточное положение между животными с гомозиготными аллелями. Особи с гомозиготным генотипом ESR^{BB} (Й × Л) превосходили по массе гнезда при отъеме свиноматок (Й × Л и БМ × БМ) с гомозиготным генотипом ESR^{AA} на 5,7 и 27,6 кг, или на 4,9 и 23,9%, с гетерозиготным генотипом — на 2,8 и 26,4 кг, или на 2,3 и 12,8%.

Следовательно, селекция, направленная на разведение животных с предпочтительными генотипами, позволит значительно увеличить многоплодие свиноматок и массу гнезда при отъеме. В связи с этим большой интерес представляет изучение полиморфизма гена ESR. Использование информации на

основе ДНК (маркеры) в сочетании с применением традиционных методов отбора позволяет существенно ускорить темпы селекции свиней по признакам, характеризующим репродуктивные способности.

В селекционном процессе важно определить ДНК-маркер, по полиморфизму которого можно судить об откормочных и мясных качествах молодняка свиней. Мы изучили показатели среднесуточного прироста, затрат корма на 1 кг прироста за период откорма, толщины шпика над 6–7-м грудным позвонком и массы задней трети полутуши молодняка различных породных сочетаний в зависимости от генотипа H-FABP и выявили положительную ассоциацию с рядом признаков (табл. 3).

Установлено положительное влияние генотипов H-FABP^{HH} и H-FABP^{DD} на все оцениваемые признаки животных как контрольных, так и опытных групп. Селекция с учетом изученной ассоциации позволяет значительно улучшить откормочные качества свиней по сравнению с качествами аналогов генотипов H-FABP^{hh} и H-FABP^{dd}.

Так, среднесуточный прирост молодняка контрольных групп генотипа H-FABP^{HH} варьировал в пределах 735–769 г, животных опытных групп — 779–812 г, что выше по сравнению с показателями свиней контрольных и опытных групп генотипа H-FABP^{hh} соответственно на 27–29 г, или на 4%, и на 31–32 г, или на 4%, генотипа H-FABP^{DD} — на 10–16 г, или на 1–2%, и на 28–29 г, или на 3–4%. Затраты корма на прирост живой массы молодняка контрольных групп генотипов H-FABP^{HH} и H-FABP^{DD} оказались ниже показателя аналогов генотипа H-FABP^{hh} на 7,5–5,7%, H-FABP^{DD} — на 6,3–3,3, сверстников опытных групп генотипа H-FABP^{hh} — на 5,7–5,5, генотипа H-FABP^{DD} — на 3,5–2,5%.

Выявлено, что генотипы H-FABP^{HH} и H-FABP^{DD} положительно повлияли и на мясные качества молодняка контрольных и опытных групп. У животных этих генотипов толщина шпика была ниже в среднем на 4,3–10,5%, масса окорока — больше на 2,7–10,8%.

С учетом обнаруженной взаимосвязи полиморфизма генов RYR1, ESR и H-FABP и продуктивных признаков свиней предложены генетические маркеры для селекции на повышение показателей воспроизводства и откорма.

Таблица 3

Показатели откормочных и мясных качеств молодняка различных породных сочетаний в зависимости от генотипа Н-FABP

Сочетание генотипов	Генотип Н-FABP			
	Н-FABP ⁿⁿ	Н-FABP ^{dd}	Н-FABP ^{hh}	Н-FABP ^{pd}
<i>Среднесуточный прирост, г / затраты корма на 1 кг прироста, к. ед.</i>				
БКБ × БКБ	735/3,2	732/3,19	708/3,44	716/3,39
БМ × БМ	748/3,06	752/3,02	718/3,18	717/3,29
БКБ × БМ	769/3	758/3,04	740/3,14	748/3,12
Й × Й	798/2,88	789/2,9	760/2,99	756/3
Л × Л	779/2,86	782/2,89	748/3,4	750/3
Й × Л	812/2,82	804/2,9	780/2,98	784/2,92
Л × Й	804/2,88	807/2,85	775/3,02	780/3
<i>Толщина шпика над 6–7-м грудным позвонком, мм / масса задней трети полутуши, кг</i>				
БКБ × БКБ	24,2/11,3	24/11,5	26,4/10,6	26,3/10,5
БМ × БМ	17,8/11,6	17,6/11,6	19/11,2	19,2/11,3
БКБ × БМ	19,2/11,4	19,4/11,3	22,3/11	20,6/10,9
Й × Й	12,2/11,9	12,8/11,8	14,2/11,8	14,8/11,7
Л × Л	11,8/12,4	11,7/12,3	13,3/11,9	13,1/11,8
Й × Л	12,8/12,2	12,3/12,1	13,9/11,7	13,8/11,8
Л × Й	12,6/12,4	12,5/12,3	14/11,6	13,9/11,9

Использование этих маркеров позволит проводить ДНК-тестирование племенных животных и ремонтного молодняка в раннем возрасте независимо от пола.

Таким образом, анализ ассоциации полиморфных вариантов генов-маркеров репродуктивных, откормочных и мясных качеств показал, что животные с генотипами ESR^{BB} и ESR^{AB},

Н-FABPⁿⁿ и Н-FABP^{dd} отличаются лучшими значениями многоплодия, массы гнезда при отъеме, среднесуточного прироста, затрат корма, толщины шпика над 6–7-м грудным позвонком и массы задней трети полутуши. Проведение молекулярно-генетического тестирования родительских свинок (F₁) по этим генам позволит повысить продуктивность свиней. Выделена аллель ESR^{BB} как предпочтительная и аллель ESR^{AB} как желательная для дальнейшей селекции на увеличение многоплодия и массы гнезда при отъеме.

Установлено, что все подопытные животные по гену RYR1 имели генотипы RYR1^{NN} и RYR1^{Nn}, следовательно, нет необходимости в определении их чувствительности к стрессу. Высокие показатели неспецифической устойчивости организма животных пород ландрас, йоркшир и их сочетаний говорят о хорошей приспособленности к воздействию неблагоприятных факторов внешней среды и естественной резистентности.

ЖР

Республика Беларусь

БАЦЕЛЛ-М

ДОБАВКА КОРМОВАЯ ПРОБИОТИЧЕСКАЯ

<https://биотехагро.рф>
bion_kuban@mail.ru
 8 (800) 550-25-44

Производитель:
ООО «Биотехагро»
 Краснодарский край,
 г. Тимашевск, ул. Промышленная, д. 6ж

РЕКЛАМА