



мясоперерабатывающие предприятия. Применение предложенного производству способа, как одного из приемов усовершенствования технологии кормления, в основу которого положен фактор сокращения потерь живой массы бычков при транспортировке путем предварительного скармливания оптимального уровня хлористого кальция, обеспечило активизацию адаптационной функции организма животных, послабление возбуждающей реакции их на внешние раздражители и способствовало сохранению качества мяса.

Ключевые слова: бычки, живая масса, стресс, продуктивность, хлористый кальций, качество мяса, транспортировка.

STRESS FACTOR PREVENTION DUE TO THE YOUNG BULLS TRANSPORTATION VIA CALCIUM CHLORIDE USE

Prusova G.; Institute of animal science, UAAS

This article highlights the experimental research results and scientific validation of stress factor prevention due to transportation. The proposed method use procures adaptive reaction activity boost of the animal organism, excitement decrease to external irritation. The above-mentioned method is based on the improved feed system for the young bulls live weight (LW) loss decrease during transportation. The method implementation results from calcium chloride foddering on the optimal level. The method application secures beef quality protection.

Key words: young bulls, live weight (LW), stress factor, productivity, calcium chloride, beef quality, transportation.

УДК 636.4.082

ПЕРСПЕКТИВИ ВИВЧЕННЯ ЛОКУСІВ КІЛЬКІСНИХ ОЗНАК СВИНЕЙ З ВИКОРИСТАННЯМ ДНК-ТЕХНОЛОГІЙ

(оглядова)

Рецензенти: канд. с.-г. наук Церенюк О.М., канд. с.-г. наук Ткачова І.В.

В.І. Россоха, О.А. Бойко, Н.М. Шкавро, Л.В. Россоха

Інститут тваринництва УААН

У статті наведено короткий літературний огляд основних досягнень у області вивчення локусів кількісних ознак свиней. Показано кількість відомих QTL свиней залежно від загальної класифікації ознак та хромосом, наведено найбільш досліджені ДНК-маркери у свиначстві, серед яких найважливішими є ріанодин-рецепторний ген, ген естрогенового рецептора, ген гормону росту та ген інсуліноподібного чинника росту. Відмічено перспективи подальших досліджень у даному напрямі, зокрема вивчення асоціацій між QTL, імуногенетичними параметрами і господарсько-цінними ознаками свиней.

Ключові слова: ДНК-маркери, QTL, геном, свині, маркер-залежна селекція.

У сучасній генетиці велика увага надається вивченню локусів кількісних ознак (QTL – quantitative trait locus), які є регіонами хромосом, пов'язаних з проявом тих або інших кількісних ознак. Нові підходи, засновані на застосуванні ДНК-маркерів ознак продуктивності тварин із використанням ДНК технологій, на відміну від методів традиційної селекції, дають змогу проводити оцінку тварин безпосередньо на рівні генотипу. Також при використанні ДНК-маркерів селекційні рішення в роботі з тваринами можуть ухвалюватися в їх ранньому віці, і навіть ще до їх народження, що скорочує витрати на проведення оцінки останніх



[1]. Метод вивчення потенційних генів господарсько корисних ознак був запропонований Ротшильдом і Соллером у 90-х роках 20-го сторіччя як процедура ідентифікації генів із важливим фенотипічним проявом і можливого їх використання в програмах генетичного покращення [2]. Подальше проведення QTL аналізу – статистичного методу, який об'єднує 2 типи інформації: фенотипічні дані, тобто кількісні ознаки і генотипові дані, тобто молекулярні маркери – дає змогу виявити генетичну основу кількісних ознак [3].

У останні 15 років досягнуті великі успіхи у вивченні геному свині, зокрема її QTL [4]. Це пов'язано з тим, що свиня – як об'єкт дослідження представляє значний інтерес, оскільки є важливою сільськогосподарською твариною. Так, у більшості європейських країн частка свинини в балансі м'яса перевищує 50 %, а в Китаї навіть 80 % [5]. Крім того, у зв'язку зі схожістю геному свині й людини, свиня є цінною біомедичною моделлю для вивчення проблем, пов'язаних із здоров'ям людини [6].

Для ефективного вивчення геному свині вченими різних країн були скоординовані зусилля і розпочаті дослідження в рамках Міжнародного проекту картирування геному свині (PIGMaP gene mapping project) [7]. Починаючи з 1994 р. було опубліковано 110 статей, в яких представлені 1675 QTL [4].

У табл. 1 наведено кількість відомих QTL свиней залежно від загальної класифікації ознак, в табл. 2 – залежно від хромосом [4].

Докладнішу інформацію щодо QTL свиней можна знайти у створеній базі даних PigQTLdb [8]. Так, локуси відповідальні за відтворення, локалізовані на хромосомах 1, 8, 16; енергію росту – 4, 7; якість м'яса – 1, 6 та 15 [9].

1. Число QTL за загальною класифікацією ознак

Класифікація ознак	Число QTL
Екстер'єр	50
Здоров'я	15
Якість м'яса	1285
Продуктивність	258
Репродуктивні ознаки	67

Найбільший інтерес дослідників направлено на вивчення QTL ознак якості м'яса (див. табл. 1). При цьому найбільша кількість QTL різних ознак локалізовані на 4 хромосомі (див. табл. 2).

Подальші дослідження проводяться в напрямі ідентифікації генів, що лежать в основі QTL, тобто на “звуження” QTL регіону до декількох генів-кандидатів - генів, що кодують ключові білки прояву ознаки [6, 9]. Гени-кандидати, дія генних варіантів яких відома, дають можливість проведення маркер-залежної селекції з більшою точністю, що зрештою підсилює інтенсивність селекції.

Найбільш дослідженими ДНК-маркерами у свинарстві є:

- ген ріанодінового рецептору, RYR1 як маркеру стресової стійкості свиней

2. Число QTL у різних хромосомах

Хромосома	Число QTL
1	204
2	157
3	67
4	226
5	56
6	188
7	194
8	76
9	40
10	37
11	27
12	37
13	69
14	64
15	61
16	11
17	32
18	22
X	106



- маркери багатоплідності:
 - естрогеновий рецептор (ESR), ролактин-рецептор (RLR);
 - бета-суб'єдиниця фолікулостимулюючого гормону (FSHB);
 - коактиватор A1 ядерних рецепторів (NCOA1);
 - міогенін (MYF4) - великоплідність, життєздатність поросят.
- Генетичні маркери м'ясної продуктивності свиней:
 - ген гамма-суб'єдиниці протеїнкінази A (PRKAG3, RN-ген);
 - ген білка, що зв'язує жирні кислоти (H-FABP), впливаючи на вміст внутрішньом'язового жиру;
 - меланокортин-рецептор (M4CR/PRUM) - покращення апетиту (відсутність порогу насичення їжею), інтенсивний приріст живої маси і відкладення жиру;
 - ген інсуліноподібного чинника росту 2 (IGF-2), що впливає на швидкість росту і м'ясність туш [9].

Для селекціонерів має суттєве значення інформація про стан популяції свиней стосовно алелів RYR1 гену, що визначає і впливає на формування таких важливих ознак, як підвищена чутливість тварин до стресів, м'ясність, відгодівельні якості. У ряду робіт показано, що мутація в RYR1-гені галотанового локусу (в позиції 1843 п.н.) призводить до виникнення його рецесивного алельного варіанту, що у гомозиготному стані обумовлює розвиток стрес-синдрому у свиней, а в гетерозиготному - тварина є носієм мутанта алеля [10 - 13].

Ген гормону росту свиней також є прикладом гену-кандидата кількісних ознак. У роботах [14-15] показана його асоціація з показниками м'ясності і вмісту жиру.

У результаті дослідження гена інсуліноподібного чинника росту свиней виявлено його вплив на ріст м'язів, жирові відкладення і розмір серця, та показана роль заміни нуклеотиду в інтроні IGF-2 у міогенезі [16].

Поліморфізм генів ESR, PRLR, FSHR, RBP4 пов'язаний з плодючістю тварин. Естроген-рецептор (ESR) вважається найкращим маркером для селекції з метою підвищення плодючості свиней та впливає на їх продуктивність [17-18].

На закінченні цього огляду слід зазначити можливі напрями вивчення QTL свиней у зв'язку з роботами по вивченню імуно-генетичних маркерів. Так, відомо, що у свиней з 17 відомих груп крові картировані 12. Усі вони розташовані на різних хромосомах у зчеплених групах локусів, кожна з яких контролює певні ознаки. Наприклад, галатанова група зчеплених локусів, яка знаходиться на 6 хромосомі геному свині й охоплює HaL локуси (RYR-1), два локуси груп крові (S і H), а також 2 еритроцитарні ферментні локуси і плазмовий білковий локус [19].

Висновок. Використання ДНК-технологій відіграє важливу роль у тваринництві, одним із перспективних напрямів досліджень геному може бути вивчення асоціацій між QTL, імуно-генетичними параметрами і господарсько-цінними ознаками свиней.

Бібліографічний список

1. Ген POU1F1 как потенциальный маркер привесов у свиней / Костюнина О., Зиновьева Н., Левитченков А. [и др.] // Свиноводство. – 2008. – № 1. – С. 5 – 7.
2. Rothschild M. Candidate gene analysis to detect traits of economic importance in domestic livestock/ M.Rothschild, M.Soller // Probe. – 1997. – Vol. 8. –P. 13-20.
3. Miles C. Quantitative trait locus (QTL) analysis/ C. Miles, M. Wayne // Nature Education. – 2008. – № 1 (1).- P. 27-31.



4. Rothchild MF. Advances in QTL Mapping in Pigs/ MF. Rothchild, Z-L Hu, Z. Jiang // Int. J. Biol. Sci. – 2007. – № 3. – P. 192 – 197. Available from <http://www.biolski.org/v03p0192.htm>
5. Марзанов М. Генетические маркеры в селекции свиней / М. Марзанов, А. Филатов, А. Данилин // Свиноводство. – 2005. – № 2. – С. 2 – 4.
6. Jiang Z. Swine genome science comes of age/ Z. Jiang, MF. Rothchild // Int. J. Biol. Sci. – 2007. – № 3. – P. 129 – 131. Available from <http://www.biolski.org/v03p0129.htm>
7. Genetic Resource, Genome Mapping and Evolutionary Genomics of the Pig (*Sus scrofa*) / Chen K., Baxter K., Muir W. [et al.] // Int. J. Biol. Sci. – 2007. – № 3. – P. 153 – 156. Available from <http://www.biolski.org/v03p0153.htm>
8. <http://www.animalgenome.org/QTLdb/>
9. Методы исследований в биотехнологии сельскохозяйственных животных: [Школа-практикум; ред. Зиновьева Н.А.].- ВИЖ, 2005.- Вип. 4.- 134 с.
10. Метлицька О.І. Застосування молекулярно-генетичних маркерів різних класів при визначенні внутрішньо- та міжпородної мінливості свиней: автореф. дис. на здобуття науков. ступ. канд. с-г. наук: 03.00.15-генетика/ О.І. Метлицька. – с. Чубинське, Київської області, 2001. – 20 с.
11. Черкаева Е. Применение ДНК-технологии для выявления полиморфизма по гену RYR-1 у свиней крупной белой породы/ Е. Черкаева // Свиноводство. – 2008. – № 5. – С. 8 – 11.
12. Effects of the RYR1 (HAL) gene and sex on carcass and meat quality in pigs receiving dietary palm oil / Pieszka M., Janeik A., Migdal W. [et al.] // Annals of Anim. Sci. – 2006. – № 2/1. – P. 47 – 53.
13. Максимов А. Развитие и продуктивность хряков и свиноматок, отличающихся генотипом по гену Ryr-1/ А. Максимов // Свиноводство. – 2007. – № 6. – С. 2 – 5.
14. Rejduch B. The growth hormone-releasing hormone (GHRH) gene polymorphism and its association with meatiness of polish large white pigs/ B. Rejduch, M. Oczkiewicz, M. Rozyski // Annals of Animal Science. – 2007. – № 2. – P. 221 – 226.
15. Buczynski J. Studies of growth hormone gene polymorphisms in Zlotnika Pig Populations/ J. Buczynski, A. Panek, B. Kempisty // Annals of Anim. Sci. – 2006. – № 2/1. – P. 15 – 19.
16. Van Laere A. A regulatory mutation in IGF2 causes a major QTL effect on muscle growth in the pig/ A. Van Laere, M. Nguyen, M. Braunschweig // Nature. – 2003. – V. 425. – P. 832-836.
17. Drogemuller C. Candidate gene markers for litter size in different German pig lines/ C. Drogemuller, H. Hamann, O. Distl // J. Anim. Sci. – 2001. – Vol 79. – P. 2565-2570.
18. Omelka R. Genetic markers for reproductive traits in pigs/ R. Omelka, M. Bauerova, J. Bulla // J. Agric. Sci. 47. – 2001. – P. 731-740.
19. Сердюк Г.Н. Механизмы связи групп крови с хозяйственно-полезными признаками и устойчивостью животных к заболеваниям/ Г.Н. Сердюк, Ю.В. Иванов, Н.Н. Куценко // Достижения в генетике, селекции и воспроизводстве сельскохозяйственных животных: Материалы международной научной конференции (9 – 11 июня 2009 г., Пушкино). – Пушкино, 2009. – Ч. 2 (генетика). – С. 182 – 187.



ПЕРСПЕКТИВЫ ИЗУЧЕНИЯ ЛОКУСОВ КОЛИЧЕСТВЕННЫХ ПРИЗНАКОВ СВИНЕЙ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ДНК-ТЕХНОЛОГИЙ

Россоха В.И., Бойко Е.А., Шкавро Н.Н., Россоха Л.В. Институт животноводства УААН

В статье представлен краткий литературный обзор основных достижений в области изучения локусов количественных признаков свиней. Показано количество известных QTL свиней в зависимости от общей классификации и хромосом, приведены наиболее изученные ДНК-маркеры в свиноводстве, среди которых наиболее важными являются рианодин-рецепторный ген, ген эстрогенового рецептора, ген гормона роста и ген инсулиноподобного фактора роста. Отмечены перспективы дальнейших исследований в данном направлении, а именно изучение ассоциаций между QTL, иммуногенетическими параметрами и хозяйственно-ценными признаками свиней.

Ключевые слова: ДНК-маркеры, QTL, геном, свиньи, маркер-зависимая селекция.

LOCUS INVESTIGATION FOR QUALITATIVE PIG TRAIT IDENTIFICATION VIA DNA-TECHNOLOGIES USE

Rossokha V., Boyko E., Shkavro N., Rossokha L.; Institute of animal science, UAAS

This article presents scientific literature review on basal achievements in locus investigation for qualitative pig trait identification. QTL pig number was computed subject to total chromosome classification. DNA markers are presented for use in pig husbandry. Rianodine and estrogen receptor genes, growth hormone gene belong to the major genes. Developmental trends were defined. Associations were investigated between QTL genetic parameters and economic traits of the pigs.

Key words: DNA markers, genome, pigs, marker-dependent selection.