

РЕСПУБЛИКАНСКОЕ УНИТАРНОЕ ПРЕДПРИЯТИЕ
«НАУЧНО-ПРАКТИЧЕСКИЙ ЦЕНТР НАЦИОНАЛЬНОЙ
АКАДЕМИИ НАУК БЕЛАРУСИ ПО ЖИВОТНОВОДСТВУ»

Н.А. ЛОБАН, И.П. ШЕЙКО

ГЕНОМНАЯ СЕЛЕКЦИЯ В СВИНОВОДСТВЕ

монография



Генотип + Окр. среда = Фенотип

Жодино, 2013

**РЕСПУБЛИКАНСКОЕ УНИТАРНОЕ ПРЕДПРИЯТИЕ
«НАУЧНО-ПРАКТИЧЕСКИЙ ЦЕНТР НАЦИОНАЛЬНОЙ
АКАДЕМИИ НАУК БЕЛАРУСИ ПО ЖИВОТНОВОДСТВУ»**

Н.А. ЛОБАН, И.П. ШЕЙКО

ГЕНОМНАЯ СЕЛЕКЦИЯ В СВИНОВОДСТВЕ

монография

Жодино
РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук
Беларуси по животноводству»
2013

УДК 636.4.082.13

Лобан, Н. А. Геномная селекция в свиноводстве : моногр. / Н. А. Лобан, И. П. Шейко. – Жодино : РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству», 2013. – 272,[48] с.

ISBN 978-985-6895-12-1

В монографии приведена обзорная информация и результаты собственных исследований по разработке и использованию методов ДНК-технологии в породообразовательном процессе, позволивших в комплексе с приёмами классической селекции ускоренно создать ряд селекционных достижений: белорусскую крупную белую породу свиней и заводские типы «Заднепровский» и «Днепробугский». Большое внимание уделено теоретическому обоснованию методов генетического мониторинга происхождения, гетерозиготности заводских стад и оптимизации системы разведения.

Книга предназначена для руководителей и специалистов свиноводческих предприятий, студентов и преподавателей, высших и средних специальных учебных заведений, аспирантов и научных сотрудников.

Табл. 86, Рис. 74, Библиогр. : 374 назв.

Печатается по решению Ученого совета
РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук
Беларуси по животноводству»,
(протокол № 4 от 27 февраля 2012 г.).

Рецензенты:

доктор биологических наук, профессор, академик НАН Беларуси
Н.А. Картель,
(ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси»),
доктор сельскохозяйственных наук, доцент Л.А. Федоренкова
(РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук
Беларуси по животноводству»).

ISBN 978-985-6895-12-1

© Лобан Н.А., Шейко И.П., 2013

© РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству», 2013

СОДЕРЖАНИЕ

ВВЕДЕНИЕ	6
1. АНАЛИТИЧЕСКИЙ ОБЗОР ЛИТЕРАТУРЫ	7
1.1. Методы ДНК-технологий как эффективный резерв практической селекции	7
1.2. Использование генетических маркеров в промышленном и племенном свиноводстве	10
1.3. Маркер-зависимая селекция на повышение репродуктивных качеств свиней	17
1.4. Методы оценки стрессустойчивости и резистентности свиней	22
1.4.1. Анализ генетической структуры популяций свиней по гену RYR1 в их ассоциации с продуктивностью	32
1.5. Повышение откормочных и мясных качеств свиней методами маркер-зависимой селекции	37
1.6. Маркер-зависимая селекция в профилактике заболевания свиней колибактериозом	43
1.7. Генетическая оценка свиней по ДНК-микросателлитам	46
1.8. Цитогенетические методы в селекции свиней и использование кариотипирования.	51
2. НАУЧНЫЕ РАЗРАБОТКИ И ИХ ЭФФЕКТИВНОСТЬ В ОБЛАСТИ ГЕНОМНОЙ СЕЛЕКЦИИ	56
2.1. Краткая характеристика породного состава свиней, разводимых в Республике Беларусь, эффективность их селекции и использования в системах разведения	56
2.1.1. Белорусская крупная белая порода	57
2.1.2. Белорусская черно-пестрая порода	62
2.1.3. Белорусская мясная порода	64
2.1.4. Дюрок	66
2.1.5. Ландрас	66
2.1.6. Эффективность использования пород в системе разведения	67
2.2. Использование кариотипирования	74
2.3. Генные маркеры в селекции свиней	78
2.4. Генетические аномалии в свиноводстве	80
2.5. Маркер-зависимая селекция	82
2.6. ДНК-диагностика в свиноводстве	84
2.7. Разработка и эффективность использования методов маркерной селекции	87

2.7.1. Сравнительная оценка методов диагностики стрессчувствительности свиней и методов профилактики	87
2.7.2. Повышение качества свинины и скороспелости молодняка БКБ породы методом маркерной селекции.	96
2.7.3. Повышение продуктивности свиноматок белорусской крупной белой породы методами маркерной селекции	106
2.7.3.1. Оценка частотности генотипов эстрогенового гена-рецептора ESR в БКБ породе и их ассоциации с воспроизводительными качествами	106
2.7.3.2. Оценка эффективности использования эритропоэтинового рецептора (EPOR) как маркера репродуктивных признаков свиней	120
2.7.3.2.1. Плейотропное действие гена EPOR	130
2.7.4. Генетические маркеры, детерминирующие предрасположенность поросят к колибактериозу	135
2.7.4.1. Влияние полиморфизма гена ECRF18 на продуктивность свиноматок, сохранность поросят и их предрасположенность к заболеванию колибактериозом	135
2.7.4.2. Ген MUC4, как маркер предрасположенности молодняка свиней к колибактериозу	145
2.7.4.2.1. Генетическая структура по гену MUC4 свиней белорусской крупной белой и белорусской мясной пород	145
2.7.4.2.2. Влияние генотипа свиноматок по гену MUC4 на сохранность и скорость роста поросят-сосунов	150
2.7.4.2.2.1. Плейотропное действие гена MUC4	161
2.7.5. Оценка полиморфизма генов-кандидатов ассоциации с мясо-ткормочной продуктивностью	164
2.7.5.1. Влияние полиморфизма гена PIT1 / POU1 F1 на откормочные и мясные качества свиней белорусской крупной белой породы	164
2.7.5.2. Оценка полиморфизма гена IGF-2 в ассоциации с мясо-откормочной продуктивностью и разработка метода селекции	170
2.7.5.3. Комплексный метод повышения откормочных и мясных качеств свиней БКБ породы на основе молекулярной генной диагностики	177
2.7.5.4. Оценка генетического равновесия заводских популяций хряков белорусской крупной белой и белорусской мясной пород по гену IGF-2 на линейном уровне	189
2.7.5.5. Плейотропное действие гена IGF-2	195

2.7.5.6. Корреляция между генотипами по генам EPOR, MUC4, IGF-2 и детерминирующими показателями продуктивных качеств свиней	196
2.7.6. Построение генетического профиля популяций свиней, по комплексу используемых в селекции генных маркеров	200
3. ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ЭКСПЕРТИЗА СВИНЕЙ, ПОСТРОЕННАЯ НА ОСНОВЕ ДНК-МИКРОСАТЕЛЛИТОВ	212
3.1. Оценка генетического профиля свиней белорусской крупной белой породы.	212
3.2. Филогенетическая оценка свиней БКБ породы в сравнении с животными основных аналоговых породных групп в мире	220
3.3. Контроль происхождения	225
3.4. Результаты молекулярно-генетического исследования племенных хряков на госплемпредприятиях РБ	227
3.4.1. Генетическая экспертиза породности и линейности хряков немецкой селекции Брестского генетического центра по свиноводству	227
3.4.2. Результаты генетической экспертизы племенных хряков норвежской селекции Минского племпредприятия	232
3.4.3. Генетическая экспертиза племенных хряков норвежской селекции Витебского племпредприятия	240
3.4.3.1. Первый этап завоза	240
3.4.3.2. Второй этап завоза	243
3.4.4. Результаты генетической экспертизы хряков немецкой селекции, закупленных на племенную ферму одного из ЧСУП	246
ВЫВОДЫ	249
БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК	250
СПИСОК ПУБЛИКАЦИЙ АВТОРА	264
ПРИЛОЖЕНИЯ	272

ВВЕДЕНИЕ

Для повышения эффективности технологии производства свинины необходимо комплексное использование современных методов генетики в системе разведения и технологических решений, обеспечивающих комфортные условия среды и максимальную производительность животных. При этом особое внимание должно быть уделено животным основного стада – хрякам и свиноматкам, их развитию, резистентности, адаптации, генетическому потенциалу продуктивности и способности к продолжительному и эффективному использованию. Если проблема с хряками относительно решена, и потребители получают на свиноводческие объекты сперму или оцененный племенной молодняк, то качество материнского стада вызывает вопросы. В странах с развитым свиноводством основным критерием эффективности производства является продуктивность свиноматки, как основного средства производства, обеспечивающего при продолжительном использовании получение в год не менее 2,4 опоросов и 27-30 голов жизнеспособного молодняка.

Очевидно, что для обеспечения высокого уровня продуктивности животных и качества продукции использование классических методов селекции и разведения недостаточно.

Известно, что на признаки продуктивности животных оказывают влияние генетические и негенетические (фенотипические) факторы. При традиционной селекции по фенотипическому проявлению признаков их истинный генетический потенциал может быть занижен или необъективно оценен. Селекция по генотипу, предполагающая определение генов, напрямую или косвенно связанных с хозяйственно-полезными признаками (маркерная селекция), имеет ряд преимуществ перед традиционной селекцией. Она делает возможным оценку животных в раннем возрасте, не учитывает изменчивость признаков, обусловленную внешней средой, и в результате повышает эффективность селекционной работы. Поиск, научное и экспериментальное обоснование целесообразности использования молекулярно-генетических маркеров признаков продуктивности свиней является актуальной задачей современной животноводческой науки.

Таким образом, перед отечественной зоотехнической наукой поставлена задача: разработать, апробировать и активно внедрить методы геномной селекции, обеспечивающие в комплексе с современными технологическими решениями высокую эффективность свиноводства.

1. АНАЛИТИЧЕСКИЙ ОБЗОР ЛИТЕРАТУРЫ

1.1. Методы ДНК-технологий как эффективный резерв практической селекции

Следует отметить, что для последнего десятилетия характерно широкое внедрение в биологические науки молекулярно-генетических методов [102]. На этом пути наиболее практически востребованы: анализ полиморфизма длины рестриционных фрагментов ДНК (ПДРФ-технология) и полиморфизма длины фрагментов ДНК, амплифицированных в полимеразной цепной реакции (ПЦР-технология). Они являются мощными инструментами в маркировании конкретных генетических систем [136; 156, с. 228-223]. В практической селекции животных это позволяет проводить одновременное тестирование большого количества полиморфных локусов и давать комплексную характеристику геномов животных [100, 84, 134, 138].

При исследовании полиморфизма длин рестриционных фрагментов (ПДРФ) известные аллельные варианты могут быть использованы маркеры отдельных сегментов хромосом и, соответственно, лежащих в этих сегментах генов. Причем, некоторые из таких генов могут участвовать в детерминации признаков продуктивности [13]. ПДРФ-технология была разработана для обнаружения различий на уровне структуры ДНК. Сущность её заключается в использовании рестриционных ферментов, которые разрезают ДНК в сайтах со специфическими нуклеотидными последовательностями [48, с. 5-7]. В результате этого образуются фрагменты ДНК различной длины, которые могут быть идентифицированы [6, с. 24-26].

Рестриционные ферменты (эндонуклеазы) широко распространены среди прокариотов; их естественная функция заключается в разрушении инородных молекул ДНК посредством распознавания и разрезания специфических фрагментов нуклеотидной последовательности (длина рестриционного сайта 4-6 пар нуклеотидов). Каждый фермент имеет свой определенный сайт узнавания.

Разрезание молекулы ДНК рестриционным ферментом позволяет получить набор ДНК-фрагментов различной, но строго определенной длины. Любые точечные мутации в сайте рестрикции, также как вставки или делекции, приводят к изменению длины рестриционных фрагментов и фиксируются при электрофорезе в ПААГ, что позволяет визуализировать ДНК-полиморфизм различных генотипов [7, с. 43-498].

С помощью ПДРФ можно маркировать различия между генотипами практически по любому участку хромосомы, выявлять любые раз-

личия геномов. Ценность использования ПДРФ заключается в том, что анализ идет на уровне ДНК, структура которой не зависит от возраста животного, для определения требуются минимальные количества любого органа или ткани. ДНК хранится очень долго и, наконец, потенциально информативность этих маркеров значительно выше иммунологических и биохимических.

Разработка методов оценки генотипов животных на основе генетических маркеров – ПДРФ – в настоящее время идет в двух основных направлениях:

1. Общая оценка генотипа на основе исследования так называемых высокополиморфных гипервариабельных последовательностей ДНК.

2. Характеристика животных по отдельным генам, преимущественно таким, которые могут контролировать продуктивные качества, устойчивость к заболеваниям.

В последние годы в ДНК-тестировании широко применяют молекулярный метод, основанный на полимеразной цепной реакции – ПЦР [18, с. 64-65]. Его разработал и предложил в 1985 году К. Mullis, получивший в 1993 году за это открытие Нобелевскую премию по химии [13, с. 1009-1013].

Данный метод дает возможность получать рестрикционные карты последовательности ДНК с нанесенными на них сайтами разрезания для различных рестриктаз [11, 41, 48, 149].

В основе метода ПЦР лежит многократное копирование (амплификация) с помощью фермента ДНК-полимеразы определенного фрагмента ДНК по принципу комплементарности. Процесс амплификации заключается в повторяющихся циклах, каждый из которых состоит из температурной денатурации ДНК, отжига праймеров с комплементарными последовательностями и дальнейшей достройки полинуклеотидных цепей ДНК-полимеразой [196, с. 3-12].

Для проведения ПЦР сконструированы автоматические устройства, так называемые амплификаторы, которые успешно применяются в современных биологической и медицинской лабораториях [13].

Преимуществами метода ПЦР являются: прямое определение в исследуемом образце различных нуклеотидных последовательностей; высокая специфичность метода; высокая чувствительность метода; универсальность процедуры; высокая скорость проведения (все процедуры ПЦР занимают 1-2 рабочих дня при параллельной обработке 10-12 образцов), в связи с чем находят все большее применение в практике. В ветеринарной медицине широко используются ПЦР-анализ при диагностике инфекционных заболеваний, в частности, инфекционного ринотрахеида крупного рогатого скота [14, 3, 27, 63, 79, 92].

Унифицированный метод обработки материала и идентификации продуктов реакции, автоматизация процесса амплификации дают возможность провести полный анализ примерно за 5 ч.

Несмотря на всю привлекательность метода ПЦР у него есть существенный недостаток. Так, если в реакционной смеси находятся примеси, то эффективность амплификации резко снижается из-за конкуренции искомой ДНК за праймеры с молекулами ДНК, которые могут содержаться в примесях. Это принципиально важно при низких концентрациях ДНК в испытуемом образце и может приводить к ложным результатам.

Для визуализации результатов амплификации используют различные методы. Наиболее распространенным на сегодняшний день является метод электрофореза, основанный на разделении молекул ДНК по размеру в агарозном геле. В агарозный гель (концентрация 1,5-2,5 %) добавляют специальный краситель, бромид этидия, обладающий высоким сродством к ДНК. После окончания электрофореза гель помещают на фильтр трансиллюминатора, в котором по флуоресценции в оранжевокрасной области идентифицируется амплифицированный материал.

С целью повышения чувствительности идентификации используется также метод блотгибридизации, для чего осуществляют перенос ДНК из геля на нейлоновый или нитроцеллюлозный фильтры и проводят гибридизацию с олигонуклеотидным ДНК-зондом, имеющим ту же нуклеотидную последовательность, что и амплифицированный специфичный ПЦР-продукт.

В настоящее время предложены всевозможные модификации метода ПЦР, показана возможность создания тест-систем для молекулярно-биологических исследований, выявления в генах точечных мутаций, обнаружения микроорганизмов [79, с. 102-112].

С 2001 года получила развитие технологически усовершенствованная ПЦР в режиме реального времени – Real-time PCR [12, с. 53-55]. На данный момент это самая современная модификация ПЦР, позволяющая считывать результаты во время реакции без проведения электрофореза [218, с. 267-278]. Это позволяет одновременно с осуществлением амплификации детектировать ее продукты. Сущность данного метода заключается в регистрации накопления продуктов амплификации в реакционной смеси по их флуоресценции на основе пропорциональности между интенсивностью флуоресцентного сигнала и концентрацией конечного продукта ПЦР. Важнейшая особенность метода – синхронизация регистрации и амплификации, что дает возможность оценить кинетику процесса, которая зависит от начального количества

исследуемого генетического материала.

Благодаря количественной оценке и одновременной регистрации нескольких параметров метод ПЦР в режиме реального времени предоставляет исследователю, работающему в области молекулярной биологии, принципиально новые возможности, а именно повысить достоверность полученных данных и учесть наличие в образце возможных контаминации. ПЦР – один из самых высокоспецифичных, чувствительных и информативных методов молекулярной биологии, который с успехом применяется в современной биохимической и биофизической лабораториях для наработки генетического материала и его анализа [50, с. 44-49].

1.2. Использование генетических маркеров в промышленном и племенном свиноводстве

Период интенсивного изучения и использования генетических маркеров в популяциях свиней начинается с 70-х годов XX столетия и насчитывает более 35 лет [1, с. 19-25; 160].

До этого времени вопрос раннего прогнозирования продуктивных качеств свиней решался проведением корреляционного анализа взаимосвязи показателей продуктивности со всевозможными интерьерными показателями и изучением влияния одного или нескольких факторов на результирующий продуктивный признак с помощью дисперсионного анализа. Однако селекционеры практически не имели надежно-го маркера в ранней оценки продуктивности животных [22, с. 3-7; 38].

Родоначальником нового научного направления – иммуногенетики свиней – является В.Н. Тихонов, который наиболее полно изучил вопросы иммуногенетики, биохимического полиморфизма и их использование в селекции [17, с. 31-36].

Все генетические маркеры, используемые в селекции свиней, принято классифицировать разделять на 3 большие группы.

Генетические маркеры I порядка – это группы крови, антигены главного комплекса гистосовместимости I класса – SLA класс I, антигены тромбоцитов, аллотипы белков сыворотки крови.

К генетическим маркерам II порядка или анонимным генетическим маркерам относятся полиморфные системы ДНК это микросателлиты и антигены главного комплекса гистосовместимости II класса – SLA класс II.

К генетическим маркерам III порядка относится группа маркирующих систем, выявляющих отдельные гены, которые связаны с хозяйственно полезными признаками или наследственными заболеваниями

[52, с. 44-45; 163, 164].

Из *генетических маркеров I порядка* наиболее хорошо изучены группы крови у свиней [88]. Многие авторы считают, что частоты аллельных вариантов групп крови у различных пород тесно связаны с искусственным отбором, который проводится внутри породы для закрепления определенных продуктивных качеств [101, 106, 1, 158].

К 2000 году у свиней было известно более 100 вариантов групп крови на эритроцитах, лейкоцитах и ряде белковых веществ, а также до 150 веществ белковой природы, более 400 фрагментов нуклеиновых кислот [9, 10, с. 2-3; 105].

В настоящее время к ним относятся 16 систем групп крови, объединяющих 77 антигенов и 81 простых и сложных аллелей. У свиней 5 систем групп крови являются открытыми (EAC, EAH, EAJ, EAK и EAP). Наиболее полиморфные следующие системы: EAE (18 факторов и 17 комплексных аллелей, EAH (5 факторов и 7 аллелей), EAK (7 факторов и 6 аллелей), EAL (12 факторов и 6 аллелей), EAM (12 факторов и около 19 аллелей). До сих пор не определено, на каких хромосомах локализованы некоторые аллели эритроцитарных антигенов и в какие сцепленные группы они входят [25, 83].

Для совершенствования продуктивных качеств свиней могут использоваться полиморфные белки сыворотки крови в качестве генетических маркеров, обладающих рядом неоспоримых преимуществ: моногенностью признака и кодоманантностью наследования, легким типированием продуктов различных аллелей генотипа, обладанием конкретной функцией [25, с. 31-36].

В качестве критерия оценки изменчивости, происходящей в популяции, можно использовать генетически обусловленный полиморфизм трансферрина ввиду легко наблюдаемых закономерностей наследования, неизменяемости в течение всего постэмбрионального периода.

Лучшими откормочными и мясными качествами обладают животные с определенными генотипами: TfAA и TfBV. Лучшие скороспелость и энергия роста гетерозиготных особей по локусу трансферрина были у носителей аллеля TfV. Следует отметить, что чаще взаимосвязь описывается как тенденция, реже как статистически достоверная разница [83, с. 70-76]. Для разных пород была описана разнонаправленная связь по локусу трансферрина: у породы дюрок лучший прирост массы коррелировал с аллелем TfV, а у породы гемпшир – с аллелем TfA [198, с. 856-862].

Однако, по данным других авторов, подобных связей локуса Tf с откормочными и мясосальными качествами обнаружено не было [213].

Аллотипы – класс генетических маркеров, широко изучаемых как у

домашних, так и диких популяций свиней. Термин аллотипы обычно используется в отношении определенных белков сыворотки крови: иммуноглобулинов, липопротеинов и α -макроглобулинов. Под аллотипам понимают генетически обусловленные антигены белков сыворотки крови, частота которых у особей данного вида варьирует. Из всех аллотипов наиболее изученной является система липопротеинов (Lpp или Lpb), в которой к настоящему времени выявлено более 30 аллелей. Другие классы липопротеинов низкой плотности (Lpr, Lps, Lpt, Lpu) представляют собой 2- или 3-аллельные локусы [118, с. 4-5; 90, с. 75-80; 88, с. 2-4]. Так, по результатам проведенного анализа взаимосвязи генотипа свиней Катуньского типа крупной белой породы с показателями продуктивности удалось выявить маркеры низкой продуктивности в открытых системах А и К, а также в системах G и E. Маркирующий эффект этих генотипов в принципе подтверждает закономерности, установленные учеными при соответствующем анализе в других популяциях породы.

У свиней стада ГПЗ «Катунь» (Россия) не удалось выявить выраженные гены-маркеры высокой продуктивности. Это, по-видимому, связано с недостаточным уровнем селекции стада животных в последние годы, а также с некоторыми ухудшениями условий их кормления и содержания. В большей мере удалось выявить маркеры низкой продуктивности в открытых системах А и К, а также в системах G и E.

При оценке собственной продуктивности свиноматок достоверное превосходство над худшими вариантами имели особи с генотипом А а/ср, у которых в половозрастном состоянии живая масса в среднем составляла 220,3 кг, то есть выше, чем у аналогов с другими генотипами в система А крови на 3,3-7,5 %, а при сравнении стада свиней по всем локусам – на 3,17-10,7 %. Этот же генотип А ас/р представлен особями с наибольшей длиной туловища – 163,5 см. Однако достоверного превосходства по отношению к вариантам с другими генотипами не выявлено и разница была на уровне 1,4-2,7 %.

Ярко выраженным маркером низкой скорости роста и незначительного развития среди генотипов свиноматок является генотип К о/-. Свиноматки с таким генотипом в 2-летнем возрасте достоверно уступали свиноматкам других генотипов основных систем по живой массе и длине туловища, соответственно, на 3,6-12,0 % и 5,6-8,6 % ($P > 0,01$).

При анализе данных более выраженный маркирующий эффект генотипов наблюдается по воспроизводительным качествам. Генотипами же, определяющими хорошие воспроизводительные качества, можно считать генотипы E bda/edg, E aeg/edg со средним многоплодием 11,0-11,1 поросенка, молочностью 58,2-58,7 кг и массой гнезда к отъему до

192,6 кг в последнем случае. При этом внутри локуса E превосходство их достоверно и в отношении некоторых других генотипов. Высокое многоплодие связано с гетерозиготным генотипом F a/b – 11 поросят и генотипом Ladhi/bdfi – 11,4 поросенка, с достоверными разностями внутри и вне локусов ($P > 0,05-0,01$).

Генотипами, маркирующими низкие воспроизводительные качества, являются генотипы Ga/b, Aa/cp, Eedg/edf. Недостаточную скорость роста подсосного молодняка маркируют генотипы Ladhi/bcgi и Ha/b. Животные с указанными генотипами имели в худших сочетаниях аллелей многоплодие 9,5 поросенка (Eedg/edf), молочность – 52,0-53,7 кг (Ga/b, A a/cp, Eedg/edf, Ladhi/bcgi) с достоверной разницей по отношению к другим генотипам, соответственно, на 6,3-20,0 % и на 6,2-18,1 % ($P < 0,05-0,01$).

Таким образом, модельным генотипам при селекции на воспроизводительные качества можно считать генотип Ebdg/edf, aeg/edg, Fa/b, Ladhi/bdfi. Худшие воспроизводительные качества были у свиноматок с генотипом Eedg/edf, Ga/b, Aa/cp, низкая молочность – с генотипом Ga/b, Ha/b, Aa/cp [44, 32].

В селекционной практике применение этих маркеров носит ограниченный характер из-за низкой степени биохимического полиморфизма и большинства пород и видов сельскохозяйственных животных или в силу трудоемкости их исследования. Средний уровень гетерозиготности в популяциях на основе 30 локусов белков составил 6 %. Такую цифру можно считать существенно заниженной по сравнению с истинной гетерозиготностью популяций [8, с. 5-6].

Что касается *генетических маркеров II порядка*, в настоящее время одним из наиболее распространенных методов ДНК-генотипирования является микросателлитный, или SSR-анализ (simplesequencerepeats – простые повторяющиеся последовательности) [46-158].

Микросателлитные маркеры с принадлежащим им природным полиморфизмом имеют большое значение в анализе генетического разнообразия среди домашних животных [161, с. 483-488].

В свою очередь, это анонимные, не несущие кодирующих функций последовательности ДНК, на долю которых приходится до 30 % генома сельскохозяйственных животных [21, с. 95-98]. Они представляют собой короткие (ди-, три- и тетрануклеотиды) tandemно расположенные участки ДНК с размером повторяющейся области 100-200 п.о., обладающие высокой степенью полиморфизма.

Функциональное значение их, как и большинства систем групп крови, практически неизвестно, хотя, как предполагают, роль и значе-

ние их в организме достаточно велика. Доказательством тому – обязательное присутствие микросателлитных последовательностей в областях рекомбинаций, регуляции генной активности, конденсации и упаковке ДНК и хромосом. Установлено также, что вариации в длине некоторых тринуклеотидных повторов являются причиной ряда наследственных заболеваний [74; 154, с. 2-5].

Кроме того, исследование животных по ДНК-микросателлитам позволяет точнее оценить гетерозиготность популяции, то есть ее генетическое разнообразие. Чем оно выше, тем легче животные адаптируются к окружающей среде, что имеет значение в селекции, в том числе при ввозе животных из-за границы. С помощью ДНК-микросателлитов можно оценить степень инбридинга и эффективный размер популяции, снизить вероятность близкородственного спаривания, а также повысить точность учета результатов.

К преимуществам микросателлитного анализа следует отнести высокую точность и достоверность исследований, возможность постановки мультиплексных анализов (в одной пробирке исследуется до 15 маркеров), высокую поточность исследований (до 100 образцов в час) [74, с. 6-9].

В 1982 году было предложено использовать в селекции молекулярные маркеры (ДНК-маркеры), относящиеся к *генетическим маркерам III порядка*. Однако прошло довольно много времени, прежде чем началась реализация этой идеи. Причиной этому было отсутствие полиморфных маркеров, равномерно распределенных в хромосомах животных. Это условие являлось необходимым, так как все хозяйственно полезные признаки определяются полигенами. Только с обнаружением микросателлитов в геноме эукариот появилась возможность практического применения MAS-селекции [128, с. 3-7; 175].

В ряде работ отмечена прямая связь между уровнем активности ядрышковых организмов – 10 эукариот рыбосом с интенсивностью синтеза белков в клетках, а, следовательно, интенсивностью роста клеток животных их продуктивности [67, с. 9-10].

MAS (marker assisted selection) – селекция с помощью маркеров, то есть поиск особенных различий между ДНК, которые отличают породы и индивидуальных особей. Образец ДНК, полученный при рождении из волосяного мешочка или другого материала, размножается с помощью цепной реакции полимеразы для получения ДНК, достаточной для обнаружения интересующего маркера. Если маркер выявит потенциал продуктивности индивидуальной особи, тогда затраты на тестирование и влияние факторов окружающей среды будут сокращены. Результаты теста маркера наряду с использованием современной

информации и индексом генетической ценности значительно повысят точность селекции [143, с. 28-29].

Значение ДНК-маркеров в селекции на повышение продуктивных качеств животных хорошо известно, и они успешно внедряются в практику племенной работы в лучших хозяйствах [85; 145, с. 76-82].

Селекция по генотипу имеет ряд преимуществ перед традиционными методами. Она позволяет не учитывать изменчивость хозяйственно-полезных признаков, обусловленную внешней средой, делает возможным оценку животных в раннем возрасте независимо от пола животных и, в конечном счете, повышает эффективность селекционной работы [60, с. 46-51].

Наиболее распространенная схема MAS включает следующие этапы: выявление родительских форм, различающихся по интересующему селекционера хозяйственному признаку (включая формы-доноры); создание популяции, сегрегирующей по этому признаку, и генетических карт, позволяющих соотнести гены и признаки с фланкирующими их ДНК-маркерами; выбор ДНК-маркеров, косегрегирующих с соответствующим признаком; валидизация этих маркеров на других генотипах; разработка технологии с целью практического использования выбранных ДНК-маркеров для MAS [142, с. 21-26].

Основной интерес при использовании молекулярного подхода к селекции полигенных признаков представляют локусы, обозначенные термином QTLs (quantitative trait loci) – дискретные, относительно устойчивые локусы, которые при любых условиях приносят свой вклад в формирование конкретного количественного признака, хотя доля этого вклада регламентируется внешней средой. Считается что каждый QTL – это еще неизвестный аллель одного из полигенов, оказывающий влияние на изменчивость фенотипических признаков. Следовательно, одна из задач генетики состоит в идентификации, исследовании, картировании и клонировании QTL [40, 48, 50, 51, 55, 59].

С учетом мирового опыта применительно к промышленному свиноводству Российской Федерации с точки зрения научных и прикладных исследований наиболее желательным для диагностики считается ряд генов, ответственных за количественные и качественные признаки: гены-кандидаты количественных признаков, отвечающие за скорость роста (хромосомы 1, 4, 6, 7, 13), откормочные свойства (хромосомы 4, 6, 7, 13), качество мяса (хромосомы 3, 4, 12, 15), величину гнезда (хромосомы 7, 8), длину кишечника (хромосомы 4), интенсивность иммунного ответа (хромосомы 1, 4, 6) [49, с. 82-85; 101, с. 67-68].

В настоящее время в качестве генетических маркеров, представляющих практический интерес в мировом свиноводстве, рассматрива-

ются:

- рианодиновый рецептор (RYR1) – ген-кандидат чувствительности животных к стрессам [235, с. 19-31; 123, 183];

- эстрогеновый рецептор (ESR) и FSHB-ген (фолликулостимулирующий гормон), обуславливающие плодовитость свиней [52, с. 44-45; 155; 133, с. 92-93];

- рецептор E. coli – чувствительности к колибактериозу [55, с. 214-220; 179] – рецептор ретиноловой кислоты (RARG) – маркер размера гнезда [199, 239; с. 176-179; 209];

- GH-ген влияет на темпы роста и жирность туши [207, с. 124-128, 240], гипофизарный фактор транскрипции (POU1F1) влияет на мясные и откормочные качества свиней [256, с. 285-289; 236, 182, 212].

- PIT1, IGF-1(2) влияют на темпы роста, состав туши, а также на живую массу при рождении [257, с. 313-315; 271, с. 122; 169, с. 88-93];

- связанный белок жирных кислот (H-FABP, A-FABP) – маркер содержания внутримышечного жира [191, с. 189; 73];

- MyoD1-ген влияет на развитие мышц [258];

- KIT-ген обуславливает доминантный белый цвет кожи [201, с. 822-830];

- RN-ген – ген, ответственный за вкусовые качества мяса [180, с. 45-49];

- меланокортин-рецептор 4 (MC4R) отвечает за цвет кожи и ассоциирующийся с аппетитом и энергией роста свиней [264; 172, с. 464-468].

В РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству» ведутся исследования по разработке ДНК-технологий методом ПЦР-ПДРФ и применению их в селекционных программах [152].

Основными направлениями работы в настоящее время являются следующие:

1. Поиск и последующее использование генетических маркеров, связанных с продуктивными качествами животных (гены: эстрогенового рецептора – ESR, пролактинового рецептора – PRLR, связанного белка жирных кислот – H-FABP у свиней и гена каппа-казеина – CSN3 – у крупного рогатого скота).

2. Поиск и последующее использование генетических маркеров, детерминирующих мутации (генетические аномалии) для диагностики наследственных заболеваний (гены: злокачественной гипертермии – RYR1 у свиней, дефицита лейкоцитарной адгезии – BLAD у крупного рогатого скота).

3. Разработка метода достоверности происхождения крупного рога-

того скота по полиморфизму длин нуклеотидных последовательностей ДНК (по микросателлитным локусам) [150, с. 219-222].

1.3. Маркер-зависимая селекция на повышение репродуктивных качеств свиней

Эффективность производства свинины в значительной степени зависит от продуктивности свиноматок, уровня их репродуктивных признаков, особенно многоплодие и сохранность поросят, являются наиболее важными экономическими показателями в свиноводстве [151; 42-А, с. 34-37].

Селекционный прогресс в данной области за последние 40 лет в свиноводстве незначителен из-за неблагоприятного влияния паратипических факторов и использования только методов классической селекции. Размеры гнезда пытаются увеличить с помощью селекционных программ с использованием высокопродуктивных линий свиноматок и методов гибридизации [54, 127, 255; 41-А, с. 76-77]. По сообщению ряда зарубежных исследователей, положительные и достоверные результаты по увеличению размеров гнезда отмечались при отборе свиноматок по высокой плодовитости и по индексу степени овуляции и выживаемости эмбрионов [162, с. 512-515; 156, с. 228-235].

Однако прямая селекция свиней на плодовитость характеризуется малой эффективностью из-за низкой наследуемости признака ($h=0,1-0,3$) и ограниченного полом (хряки не являются носителями признака многоплодия) его проявления и отрицательного влияния паратипических факторов.

Важнейшим из критериев увеличения производства мяса и эффективности селекции свиней является повышение многоплодия маток [156, с. 274-278; 126].

Совершенствование продуктивности свиноматок как основного средства производства биотехнологическими методами, отбор высокопродуктивных животных и их подбор в пары или групповой подбор позволит достигнуть желаемого выхода продукции животноводства и ее конкурентоспособности за счет меньшего количества родительских пар. Повышение плодовитости свиней позволяет повысить эффективность селекции за счет увеличения генетического разнообразия и возможности скрининга желательных генотипов у большего числа потомков. Следовательно, прямая селекция, осуществляемая методами популяционной генетики на повышение плодовитости, малоэффективна из-за низких коэффициентов наследования признаков и отрицательного влияния средовых (паратипических) факторов и ограниченного по-

лом проявления. Коэффициент наследования многоплодия у свиней, то есть доля фенотипической изменчивости, обусловленной генетическими различиями, равен около 0,1.

Одним из приемов селекции на повышение плодовитости является введение в линии породы животных желательных генотипов с известной генетической детерминацией признака, т. е. создание резервных популяций.

Следует учитывать то, что согласно положениям популяционной генетики, количественные признаки, к которым относится и размер гнезда, обуславливаются полигенным механизмом и доля каждого гена в проявлении признака незначительна. Однако можно предположить, что хотя комплексные признаки обуславливаются многими генами, лишь некоторые из них (главные гены) оказывают наибольшее влияние на их проявление.

Следовательно, задачу повышения эффекта селекции по количественным признакам можно решать поиском и последующим использованием предпочтительных аллелей главных генов [53, с. 68-70].

Активное влияние на проявление многоплодия оказывают ряд таких «главных генов»: эстрогенового рецептора (ESR), бета-субъединицы фолликулостимулирующего гормона (FSHB) и коактиватора A1 ядерных рецепторов (NCOA1).

Ген коактиватора A1 ядерных рецепторов (NCOA1).

Как сообщает ряд исследователей [231, с. 1248-1251], комплекс NCOA1, известный также под названием коактиватора 1 стероидных рецепторов, взаимодействует с эстрогеновым рецептором, стимулируя его транскрипционную активность и обуславливая тем самым последующий физиологический ответ. Отмечалась достоверная ассоциация генотипов у помесных свиней пород КБ и мэйшан с многоплодием: превосходство свиноматок с генотипом A1A1 над A2A2 на 1,82 поросенка, а также гетерозиготных маток – на 0,9 поросенка.

Оценка различных популяций свиней по частотности встречаемости аллелей A1 и A2 в гене NCOA1 показала их значительные различия по породам от 100 до 78 % предпочтительного аллеля A1 у французской КБ и ливенской. У свиней БКБ породы частотность предпочтительного аллеля A1 имела промежуточное значение и составила 90%.

Установлена взаимосвязь генотипов маркера NCOA1 с многоплодием свиноматок породы йоркшир. Превосходство генотипов A1A1 над гетерозиготными A1A2 животными составило 1,0 поросенка на опорос, а по числу живых – 1,32.

Анализ полигенной ассоциации генотипов маркера NCOA1 с мно-

гоплодием свиноматок породы йоркшир на фоне одинаковых генотипов по генам ESR/FSHB (все свиноматки имели генотипы AA / BB), показало еще более существенные различия: свиноматки с генотипами по трем генам A1A1/BB/BB имели превосходство над свиноматками с генотипом A2A2/AA/AA по многоплодию на 1,32 поросенка и по числу живых поросят на опорос – на 1,77 поросят [156, с. 276-277].

Однако эффективное селекционное применение данного гена, как отдельно, так и в комплексе с другими, на отечественных породах свиней затруднительно в связи с низкой частотностью предпочтительных аллелей, а следовательно, недостаточным числом племенных животных, выявляемых при отборе и используемых в схемах закрепления при подборе.

Ген бета-субъединицы фолликулостимулирующего гормона (FSHB) является другим геном-кандидатом, влияющим на многоплодие свиней.

Фолликулостимулирующий гормон синтезируется передней долей гипофиза под контролем релизинг-фактора гонадотропных гормонов и попадает в органы-мишени (гонады) через кровь. В яичниках он вступает во взаимодействие с рецепторами грануляторных клеток, обуславливая созревание и дифференцировку фолликулов [156, с. 271-277]. Следовательно, FSH (фолликулостимулирующий гормон) играет важную роль в развитии ооцитов до оплодотворения.

Структурно ФСГ состоит из двух субъединиц – альфа и бета. Альфа-субъединица является общей также для других гликопротеидных гормонов, таких как лютеинизирующий (LH) и тиреотропный (TSH). Бета-субъединица является уникальной.

Последовательность бета-субъединицы была впервые установлена Hirai с соавторами [195, с. 147-158] и помещена в генный банк под номером D00621, локус «PIGFSHBS».

Была установлена мутация в гене FSHB, представляющая собой инсерцию ретропозона, содержащего полный промотор РНК-полимеразы II, а также возможные другие транскрипционные области. Ретропозон локализован на границе интрона 1 и экзона 2 на расстоянии 809 п.о. от старта транскрипции и имеет длину 292 п.о. Наличие ретропозона в последовательности FSHB обозначается аллелем А, а его отсутствие – аллелем В.

Установлено, что наличие ретропозона в геноме свиней ассоциируется с пониженным размером гнезда.

Ранее зарубежными авторами [305, с. 266-276] была установлена взаимосвязь между размером гнезда и генотипами по 289 свиноматкам пород ландрас и йоркшир. Статистический анализ показал, что свино-

матки с генотипом ВВ превосходили в среднем по 1-му опоросу свиноматок с генотипом АА, по числу рожденных поросят – на 2,53 головы и по числу живых поросят – на 2,12 голов. В последующих исследованиях, проведенных на 1000 свиноматках, было подтверждено превосходство животных с генотипом ВВ над животными с генотипом АА как по общему числу рожденных поросят на 1,27-1,51 голов на опорос, так и по числу живых поросят на 1,00-1,45 голов.

В наших совместных с российскими учеными исследованиях [1-А, с. 38-46] установлена ассоциация генотипов FSHB с многоплодием свиноматок в ООО «Троснянский бекон». Подтверждено стойкое положительное влияние аллеля В гена FSHB как на число поросят при рождении (+0,31-1,89), так и на число живых поросят (+0,3-1,96). Следовательно, данный ген может рассматриваться в качестве маркера плодовитости в программах разведения, направленных на селекцию линий с повышенным многоплодием.

Использование данного маркера, главным образом, может быть рекомендовано в стадах животных, в которых отсутствует желательный аллель В гена ESR или его частота очень низкая (свиньи зарубежных пород, а также отечественных мясных беконных), или в случае, когда в селекционируемых стадах максимальный генетический потенциал плодовитости, детерминированный геном ESR, уже достигнут.

Ген эстрогенового рецептора (ESR).

Наиболее многоплодная порода свиней в мире – мэйшан – широко известна тем, что количество получаемых от их свиноматок поросят на 4 и более голов выше всех современных заводских пород. Руководствуясь этим, исследователи Rothschild с соавторами [252, с. 201-205] использовали в качестве модели синтетическую популяцию с 50 % кровности свиней породы мэйшан, генотипы которых по эстрогеновому гену-рецептору (ESR) имели различное многоплодие свиноматок. У животных с генотипом ВВ размер гнезда по первому опоросу на 2,3 поросенка был больше, а в среднем по трем опоросам – на 1,5 поросенка выше по сравнению с животными генотипов АА ($P < 0,001$). У североамериканских пород свиней корня крупной белой был идентифицирован аллель В. При этом превосходство свиноматок с генотипом ВВ составляло, соответственно, 1,2 и 0,9 поросенка по сравнению с генотипом АА. По результатам исследования полиморфизма гена ESR, впервые проведенного в России в 2001 году на свиньях крупной белой породы, установлено наличие желательного аллеля В и его частотность [18, с. 64-65.]

В двух исследуемых популяциях свиней частота встречаемости аллеля составляла 0,045 и 0,156.

Несколько позже, в 2002 г., были проведены наши совместные исследования двух популяций свиней КБ породы в России и Беларуси [19, 12-А, 20; 54, с. 50-57], которые подтвердили наличие аллеля В у четырех заводских популяций на поголовье более 850 голов с частотностью встречаемости от 0,115 до 0,35 у животных российской и белорусской селекции.

Кроме этого были проанализированы основные плановые породы свиней, и аллель В обнаружен практически во всех популяциях, даже у животных породы ландрас.

Далее была установлена положительная взаимосвязь между уровнем многоплодия и наличием аллеля В в гене ESR всех исследуемых пород.

Частота встречаемости аллеля В была ниже у мясных и беконных пород, у трех пород канадской селекции (йоркшир, ландрас, дюрок) он вообще отсутствовал.

Анализ ассоциации генотипов животных по ESR с многоплодием показал достоверное превосходство генотипов АВ и ВВ над АА в среднем от 0,4 до 1,2 поросенка, соответственно.

В дальнейших совместных исследованиях 4-х стад двух национальных популяций свиней КБ породы лучшая ассоциация генотипов с уровнем многоплодия была у свиней СГЦ «Заднепровский» (Республика Беларусь) и составила +0,41 и +1,39 поросят, соответственно, АВ и ВВ к АА [156, с. 276-277]. Приведенные данные свидетельствуют о положительном влиянии аллеля В в гене ESR на многоплодие маток, что позволяет рекомендовать данный маркер в качестве дополнительного критерия в селекционных программах, направленных на повышение плодовитости.

В заключение следует отметить, что анализ генетических маркеров сделает возможным сохранение в популяции редких уникальных аллельных сочетаний и в будущем позволит перевести селекцию на качественно новый уровень, совершенствовать породы животных, основываясь на их истинный генетический потенциал. Методы оценки животных по генотипу в будущем, несомненно, будут иметь большое значение и способность к повышению эффективности ведения селекционной работы.

Следовательно, необходимо дальнейшее комплексное изучение вопроса ассоциативной взаимосвязи генотипов свиней по ESR с их воспроизводительными качествами и разработка принципиально нового метода маркерной селекции в дополнение к приемам классической селекции для успешного решения проблемы повышения плодовитости свиней.

1.4. Методы оценки стрессустойчивости и резистентности свиней

Характерной чертой современной свиноводческой отрасли является углубляющаяся специализация хозяйств со значительной концентрацией поголовья на объектах с промышленной автоматизированной технологией. При этом интенсивная эксплуатация высокопродуктивных генотипов свиней приводит к напряжению в их организме обмена веществ, что требует оптимизации условий кормления и содержания. Нарушение требуемых средовых параметров приводит к дополнительным издержкам организма на перерасход энергии, изменению и снижению физиологических реакций и резистентности организма, а, следовательно, приводит к резкому падению уровня продуктивности.

Характер реакции свиней на неблагоприятные условия среды различен и зависит от их чувствительности или резистентности к стрессу.

Стрессчувствительные свиньи отличаются повышенной ригидностью мышц, одышкой, очаговой кожной гипертермией, замедлением двигательных реакций.

Первое научное упоминание о «стрессе» как ответной реакции организма принадлежит канадскому ученому Г. Селье в 1963 г. В его понимании «стресс», или общий адаптационный синдром, – это состояние, в котором оказывается организм под воздействием различных факторов окружающей среды. Следовательно, факторы, вызывающие однородные ответные реакции организма, были названы стрессорами.

В современном понимании стресс определяют как специфическую адаптационную реакцию организма на действие комплекса экстремальных и различных по своей природе сильных раздражителей [32, 49; с. 82-85; 70, с. 674-680; 81, 82; 89, с. 34-36; 95, 215, 216, 217].

Исходная первопричина включения биологического механизма синдрома стресса изучена неполно. Установлено, что при стрессе любого характера включаются сложнейшие механизмы нервной регуляции и, прежде всего, воспринимается периферическими нервно-рецепторными окончаниями. Нервный импульс возникшего возбуждения по проводящей системе нервных путей мгновенно передается в кору больших полушарий головного мозга, далее в гипоталамус – отдел головного мозга, контролирующий и регулирующий выработку гормонов передней долей гипофиза.

В ответ на раздражение в подталамической области высвобождается химический медиатор-кортикотропин релизинг-гормон (АКТГ-РГ), который стимулирует выработку адренкортикотропного гормона (АКТГ) гипофизом.

Далее включается функция надпочечников по выработке гормона стресса – адреналина при ее регулировании гипоталамо-гипофизарной системы по симпатическим нервным путям (чревной нерв) возбуждается мозговое вещество. Следовательно, действие на организм различных неспецифических стрессоров приводят к развитию в нем адаптивных реакций через механизм гипоталамо-гипофизарно-адреналиновую и гипоталамо-симпато-адреналиновую системы с участием катехоламинов [95, 98].

По мнению М.Ф. Иванова [56, 57], биологическая система генотип-среда является в основе динамичной с непостоянными равновесиями. Компоненты статичности и динамичности уравниваются в организме под воздействием внешних и внутренних факторов, сохраняя биологическое равновесие (гомеостаз) организма.

Проблеме адаптации и акклиматизации животных особое внимание уделяли классики отечественной зоотехнии М.М. Завадский, Е.Ф. Лискун, М.Ф. Иванов. Основными причинами проблем в акклиматизации они считали различия в климатических и почвенных условиях между родиной животных и новой местностью, недостаточный уровень кормления в течение ряда поколений, а также более раннюю случку [47, с. 37; 56, 57, 47].

При изменении условий внешней среды для животных, находившихся ранее в равновесии с ней, входят в противоречия и вынуждены изменяться и приспосабливаться к ней [65, с. 47-49]. По ходу адаптации как биологического процесса выделяют приспособленность, т. е. нормальную жизнедеятельность организма в данных условиях, и приспособляемость как способность изменяться в соответствии с требованиями изменившихся условий. Особенно важным условием этого процесса является резистентность [107, с. 41-48].

Следовательно, способность живого организма противостоять неблагоприятному воздействию факторов внешней среды и есть естественная резистентность. Уровень естественной резистентности организма определяется неспецифическими защитными факторами, механизмом внутренней регуляции, приводящими к гармонизации или, наоборот, ее нарушениям между средой обитания и организмом животного. Механизм резистентности осуществляется на основе функционирования желез внутренней секреции, гипофиза, надпочечников, щитовидной железы, половых желез, регулируемых центральной нервной системой в соответствии с генетическими особенностями [132; 108, с. 48-60].

Как было установлено в наших исследованиях и подтверждено сообщениями других авторов, различные породы свиней по-разному

приспосабливаются к действию неблагоприятных факторов внешней среды и передают эти способности по наследству. В зависимости от породы частота проявления стресса у свиней колеблется от 3 до 100 %. Отмечено, что реагирующие на стресс свиньи имеются во всех породах, но более предрасположены к нему коротконогие животные с хорошо развитыми мускулатурой и окороками.

Экономические потери отрасли свиноводства из-за проблем стресса значительны и, как сообщают некоторые авторы [140, с. 19-21; 137, с. 47-49; 147], по отдельным странам в год составляют: США – около 250 млн. долларов, Германия – 200 млн. марок, Англия – 800 тыс. фунтов стерлингов.

В собственных исследованиях [24-А, с.4; 25-А, 26-А, 27-А], проведенных по аналогичной методике, было установлено наличие стрессчувствительных животных в исходных (1-й, 5-й, и 6-й) специализированных линиях от 0,0 % (1-я линия БКБ-1 откормочный тип) до 7-16 % в 5-й и 6-й синтетических линиях. В шести вариантах двухлинейного кросса исходных линий содержание животных с положительной реакцией на голотан увеличилось в среднем только на 0,9 % и составило 3,2 %. В вариантах трехлинейной гибридизации произошло уменьшение таких животных до 2,1 % по отношению к 2,3% исходных генотипов, что подтверждается установленной закономерностью о большей устойчивости гибридов к стрессу. Стресс у свиней проявляется в трех основных формах синдрома: синдром злокачественной гипертермии (MHS), синдром стресса свиней (PSS) и синдром бледного, мягкого, эксудативного мяса (PSE) [106].

Впервые синдром свиного стресса PSS (Porsine Stress Syndrome) и дефекты мяса полученного от стрессированных свиней описали американские ученые в 1964 году и дали ему название PSE-свинина (по первым буквам английских слов: бледное, мягкое, водянистое) и DFD-свинина (темное, плотное, сухое). Синдром PSE связан с ускоренным распадом глюкогена в мышцах, резким повышением уровня молочной кислоты значительным падением рН мяса [51, с. 218-224; 55, с. 267-280; 254, 269].

К аналогичным выводам пришли и другие исследователи [203, 210, 211, 215; 89, с. 34-36].

Злокачественная гипертермия является симптомом синдрома стресса свиней. Она контролируется аутосомным рецессивным геном, пенетрантность которого равна 50-100 %. Данный ген является рецессивным по стрессустойчивости и качеству мяса и вызывает процесс аддитивного действия по отношению к содержанию постного мяса в животном [98, с. 85-87; 165].

У свиней клиническое проявление злокачественной гипертермии происходит в стрессовых ситуациях (во время технологических операций, шуме, транспортировке и т. д.) ригидностью мышц, одышкой и повышением температуры тела.

По данным различных исследователей, установлена взаимосвязь между проявлением MHS и единичной мутацией нуклеотидов-Т в С в позиции – 1843. Это вызывает замену аминокислот аргинина в позиции 615 на цистеин, внутри гена RYR1, кодирующего выход ионов кальция (Ca^{2+}) в каналы саркоплазматического ретикулула скелетных мышц [13, с. 1009-1013; 49, с. 82-85].

Диагностика стресса у свиней показывает, что он возникает на фоне факторов эмоционального порядка: иммобилизации, физической нагрузки, термического действия и начальными клиническими признаками являются тремор хвоста и сокращение мышц. При остром проявлении клинических признаков возникает затруднение дыхания и нарушение его ритма, побледнение и покраснение участков кожи, циноз кожи, резкое повышение температуры, далее наступает коллапс, ригидность мышц и гипертермия.

В случае более острого проявления реакций процесс называют злокачественным гипертермическим синдромом. Он также характеризуется тахикардией, гипервентиляцией легких, мышечной ригидностью, очаговым цинозом кожи, прогрессирующим повышением температуры тела до 42-45 °С и возникновением молочнокислого ацидоза. В обоих случаях смерть наступает в шокоподобном состоянии [95; 242, с. 53-59; 241, с. 527-559].

Механизм ответных реакций на стресс у стрессрезистентных животных имеет нормальную реакцию на изменившиеся условия окружающей среды и происходит ряд физиолого-биохимических процессов, направленных на преодоление, восстановление организма после снятия стрессовой нагрузки и адаптации организма к изменившимся условиям. В целом устойчивые к стрессу животные имеют менее острую реакцию на стресс-факторы, у них менее выражены клинические расстройства отологических и физиологических реакций, поэтому быстрее адаптируются к изменившимся условиям среды с минимальными продуктивными и экономическими потерями.

Установлено, что до 70 % вынуждено убитых и павших животных от MHS (стрессчувствительных) по результатам анализа физико-химических свойств мяса имеют его пороки – PSE или DFD [203, с. 919-932].

Биохимической основой, приводящей к данным симптомам, является денатурация белка скелетных мышц по причине высокой концен-

трации в них молочной кислоты и высокой температуры тела.

В практике мирового свиноводства оценка устойчивости свиней к стрессу используются различные методы. В странах Западной Европы повсеместно используется метод, основанный на физико-химических характеристиках качества свинины: кислотности, цвета мяса и его влагоудерживающей способности.

Практически все туши на бойнях проходят данный тест, полученные результаты косвенно учитываются в программах селекции. Для целей эффективной селекции свиней метод малопригоден, так как связан с их убоем.

Наиболее практичный и эффективный с точки зрения селекции стал разработанный в США в 1974 году галотановый тест. Суть его заключается в выявлении стрессчувствительных животных по силе их клинической реакции на воздействие наркотического газа галотана. Оценка проводится в раннем возрасте на поросятах 5-12 недель выращивания, которым индивидуально накладывается специальная дыхательная маска, в которую подается смесь галотана 2-5 % и кислорода 95-98 % и диагностируется клиническое проявление стрессчувствительности. У поросят, неустойчивых к стрессу, спустя 45-50 секунд возникает злокачественная гипертермия, учащение пульса, одышка и другие характерные признаки.

Недостатком метода является неабсолютная точность (наличие группы животных с сомнительным диагнозом до 10-15 %) и значительная гибель молодняка (до 2,5 %) [96, с. 36-37].

Дальнейшие работы по совершенствованию метода с учетом отрицательных и положительных моментов проведегг Романовым Ю.Д., Трощенковой Л.В. и Никитченко И.Н. и в 1982 году был разработан новый метод оценки свиней различного возраста на устойчивость к стрессу по иммунологическому шоку. Свиньям в возрасте 45-80 дней вводили 1,5-2,5 мл. 50%-ной суспензии смеси эритроцитов в краевую ушную вену. Реакцией на внутривенную инъекцию стрессирующего вещества некоторых животных был посттрансфузионный иммунологический шок легкой степени, по наличию или отсутствию которого свиней подразделяют на стрессчувствительных и стрессустойчивых.

Кроме вышеописанных, существует еще ряд других методов диагностики стресса, основанных на воздействии химических, биологических стрессантов, а также ряд зоотехнических и технологических приемов. Однако существенным недостатком этих методов является то, что они выявляют лишь животных с клиническим проявлением стресса и не позволяют определить скрытых носителей заболевания. Для современной эффективной селекции этого недостаточно, так как

невозможно гарантированно выявить всех больных животных и скрытых генетических носителей стресса и создать стада, генетически свободные от болезни.

Учитывая то, что примерно две трети от общей изменчивости индивидуальной стрессреактивности обусловлено генетическим влиянием, необходимо разрабатывать методы диагностики на генно-молекулярном уровне [88, с. 2-4].

Первопричина появления у животных MHS была впервые определена O'Brien P.J. [241; 242, с. 53-59] при изучении аномалий в регуляции внутриклеточной концентрации ионов кальция. Эти нарушения наступали у животных вследствие мутаций в генах, кодирующих выработку белков кальциевого насоса, кальциевого канала и группы белков релаксационно-сократительного процесса [119, 230, с. 9310-9315].

Последующие биохимические исследования ряда авторов [119; 1120, с. 422-423; 25, с. 31-36; 32, с. 54-60; 58, с. 46-51] позволили идентифицировать нарушения в функционировании кальциевого насоса и подтвердили закономерность о нарушении в гене, кодирующего синтез одного из белков, а именно рианодин-рецепторного-RIR1, кальциевого насоса.

Активное изучение генетической природы стресса у свиней было вызвано их интенсивной селекцией на мясность и значительным увеличением процента животных, чувствительных к стрессу и имеющих свинину плохого качества. Анализ наследования этого синдрома в поколениях свиней различных пород выявил аутосомный рецессивный характер с неполной пенетрантностью (неполное фенотипическое проявление аллеля) [103, с. 91-96; 124, 125].

В исследованиях Takesima H. [259; 260, с. 42-46] была впервые выделена и изучена к ДНК рианодинового рецептора из человеческих и кроличьих соматических клеток.

Позже анализ гена RYR1 у свиней проводили J. Fujii et al. [186, с. 448-451]. Им было установлено в гене RYR1 три изоформы: RYR1, RYR2 и RYR3, в зависимости от вида ткани. RYR1 идентифицировали в клетках скелетных мышц и пищевода, RYR2 – в клетках мышц сердца, RYR3 – в клетках легких, скелетных мышц и сердца. Серия аналогичных исследований проведена Князьевым С.П. и др. [69, с. 674-680; 70] по сравнению последовательности ДНК галотан-негативных свиней породы йоркшир и галотан-позитивных породы пьетрен, обнаружил в мутантном аллеле RYR^T- не единичную инсерцию С и Т, а 18 точковых мутаций – замен нуклеотидов. Но только одна из них, названная транзицией 1843-ого нуклеотида, фактически обуславливает замену аминокислот (Arg на Cys в 615-й позиции полипептидной цепи

– продукте RYR-гена) и является причиной MHS. С целью проведения ПЦР (полимеразно-цепной реакции) были подготовлены праймеры по известной секвенции участка гена RYR1, которые выделяли фрагмент в 74 п.н., находящийся между нуклеотидами 1811 и 1884.

Тестирование мутаций в аплифицированном фрагменте проводилось ферментами рестрикции – эндонуклеазы *Hin*6I и *Hgi* AI. Мутация вызывает исчезновение сайта рестрикции первой рестриктазы и возникновение участка узнавания и разрезания другой. Таким методом исследователями был выявлен полиморфизм гена RYR1 в стадах свиней пород пьетрен, йоркшир, ландрас, была также установлена частотность мутантного аллеля и его взаимосвязь с проявлением MHS.

Правомерность данной гипотезы была подтверждена в работах К. Otsu, К. К. Khanna [243; 244, с.832-838], I. Harbitzetal. [192; 193, с. 395-402; 248] и подтверждена многочисленными исследованиями на свиньях различных пород.

Генетическое тестирование свиней различных пород в Российской Федерации проводилось с 2000 года, было определено, что частота встречаемости рецессивного аллеля *n* составляет около 7 %. В то же время, у мясных пород ландрас, пьетрен она достигала 40 % и более [20, с. 114-115].

По результатам исследований, проведенных на 120 свиньях породы ландрас селекционно-гибридного центра ЗАО «Индустриальный» Краснодарского края (Россия), было установлено, что среди проанализированных животных 32 % свинок и 39 % хряков оказались гетерозиготными по мутации в гене RYR1. Среди хряков-производителей не было обнаружено ни одного животного с генотипом *nn*, однако при скрещивании 3 пар гетерозиготных родителей в потомстве удалось выявить двух поросят с генотипом *nn*, которые выбыли по различным причинам.

Очевидно, большинство зародышей и плодов в гомозиготной рецессивной форме погибают в утробный период, а родившиеся позже – нежизнеспособные. Анализ развития свинок живой массы 100 кг, их среднесуточной прирост, затраты корма на 1 кг прироста были достоверно выше у генотипов *Nn* по отношению к *NN*. Следовательно, можно предположить, что именно в этом причина такого широкого распространения мутации в популяции.

Следовательно, при отборе более продуктивных животных по мясным качествам без проведения генетического тестирования мутация в RYR1-гене даже в гетерозиготном состоянии оказывает значительное влияние на организм. Степень этого влияния, по нашему мнению, определяется влиянием генотипов других генов и теми условиями среды,

в которые попадает особь. Часто это взаимодействие оказывается благоприятным для формирования некоторых выдающихся хозяйственно полезных признаков (мясных или откормочных). Этим можно объяснить постоянное количество Np животных в поколениях (количество гетерозигот в F1 такое же, как и в F2) и по причине их более высокой в среднем активностью ферментов, что коррелирует с интенсивностью роста мышечной ткани. Однако эти часто недостоверные преимущества Np животных не компенсируют убытки, получаемые при воспроизводстве из-за снижения резистентности и сохранности поросят [132, с. 5-6].

Впервые исследования по оценке генетической мутации гена RYR1 в Республике Беларусь было проведено нами [26-А, 27-А, 28-А, 29-А, 30-А, 39-А; 41-А, с.74-76; 42-А, с. 23-27; 45-А, 46-А, 47-А, 48-А] в 2001-2002 годах на поголовье в 714 голов пяти плановых пород свиней и их помесей и составила в среднем по частотности проявление мутантного аллеля – 0,07, от минимальных значений -0,01 у БКБ до максимальных -0,20 у ландрасов, или 1,3 до 40,8 % животных с генотипом Np, соответственно. Следует отметить, что оценка хряков, маток и молодняка на контрольном откорме по 384 головам трех племхозов: СПЦ «Заднепровский», племзаводе «Индустрия» и совхозе-комбинате «Сож» практически не выявила генной мутации по аллелю N, отмечен лишь два случая наличия животных с генотипом Np у молодняка на контрольном откорме.

Первые исследования по оценке стресса у свиней генетическим методом на поголовье свиней БКБ, БМ и Л пород были проведены нами в 2001-2002 гг. Была установлена частота проявления мутантного аллеля n в рианодинном гене-рецепторе RYR1, она составляла от 0,01 до 0,3, соответственно [26-А, 27-А, 28-А].

Мутантный аллель n наиболее часто встречается в генотипах свиней породы пьетрен, отличающихся наиболее высоким содержанием мяса в туше: у французского пьетрена частота встречаемости составляет 80 %, у немецкого – 94-100 % [210, 250; 206, с. 277-283].

В наших более поздних исследованиях (2003-2004 гг.) [41-А, с. 74-76; 42-А, с. 23-27] установлено методом генетического тестирования, ПЦР-анализа частотность рецессивного аллеля n в рианодинном гене-рецепторе RYR1. Она составила по породам следующие значения в генотипах RYR1^{Nn}: ландрас – 39,4 %, БЧП – 7,0 %, помесей БКБ×БМ – 3,0 % и БКБ – 1,7 %.

Столь малое количество животных-носителей стресса у отечественных пород и отсутствие положительной динамики – результат постоянной и целенаправленной селекционной работы с породами и

обеспечение генетически детерминации устойчивости отечественных пород к стрессу.

Сравнительный анализ пород мира показывает, что рекордсменом по встречаемости аллеля RYR1ⁿ является «супермясная» порода – пьетрен [215, с. 45-50].

Национальные популяции породы пьетрен имеют следующую встречаемость диагностируемого стресса: до 80-100 % бельгийской, до 80 % французской, 94-100 % немецкой.

Данные о встречаемости «мутантного» аллеля в геноме французского пьетрена до 100 % приводятся в сообщении М. Koswin [210, 211, с. 31-36].

Генетический скрининг гена рианодинового рецептора RYR1 у свиней породы пьетрен, завезенных в Польшу, показал, что 98 % животных имели генотипы рецессивных гомозигот-RYR1ⁿⁿ.

Следующей наиболее подверженной стрессу породой является ландрас, у которой частота мутантного аллель RYR1ⁿ колеблется от 0,03 до 0,85, у ландрасов немецкой и бельгийской селекции – 0,3-0,8; шведской – 0,15, швейцарской – 0,2 [198, с. 856-862], у разводимых в Республике Беларусь – 15-35 % [41-А, с. 74-75; 42-А, с. 20-25; 26-А, 27-А, 28-А, 29-А, 30-А, 39-А] и в Российской Федерации – от 0,03 до 0,15 [122, 123, 89; 49, с. 82-85; 61, с. 210-212].

В более поздних исследованиях, проведенных на белорусской крупной белой породе [41-А, с. 74-75; 42-А, с. 20-25], установлено, что частотность носительства мутантного аллеля в данной популяции составляла от 0,01 до 0,03, или не более 1,0-3,0 % животных. Это характеризует стабильность генетического профиля породы на стрессустойчивость в связи с практически аналогичными данными по исследованию нами стресса на 360 головах в 5 заводских стадах породы, проведенные 5 годами ранее [26-А, 27-А, 28-А, 29-А, 30-А, 39-А].

Влияние на оплодотворяющую способность и плодовитость маток в зависимости от генотипа хряков по RYR1 определил М. Rothschild [252, 253; с. 201-205].

Анализ ассоциации генотипов хряков породы немецкий ландрас по RYR1 с их оплодотворяющей способностью позволил установить преимущество генотипов RYR1^{NN} над RYR1ⁿⁿ по объему эякулята, концентрации сперматозоидов, их подвижности и количеству сперматозоидов [275, с. 105-114]. Гетерозиготные генотипы хряков RYR1^{Nn} имели промежуточные характеристики фертильности.

Следовательно, ДНК-тест на стресс позволяет получить наиболее точные результаты, т. к. он исключает сомнительную реакцию и его проведение возможно на животных всех половозрастных групп [215-

244].

Учеными ВИЖ определен спектр генов-кандидатов и их локусов количественных признаков. При оценке стресса использовался скрининг рианодинового рецептора (RYR1). С этой целью были разработаны тест-системы для анализа аллельного полиморфизма, основанные на методе ПЦР-ПДРФ-анализа, и выполнены популяционно-генетические исследования по установлению частоты встречаемости аллелей [13, с. 1009-1013].

В данных исследованиях были идентифицированы генотипы свиней (NN – стрессустойчивые носители; Nn – стрессустойчивые скрытые носители; nn – стрессчувствительные носители).

Метод ДНК-тестирования по выявлению рианодинового рецептора «галотанового локуса» нашел широкое практическое применение в национальных программах селекции [148, с. 49-50; 173, с. 539-552].

Распределение частот встречаемости n-аллелей гена RYR1 в различных популяциях зависит от общей стратегии селекционной работы по выбраковке животных-носителей мутаций в галотановом локусе при отборе [55, с. 73-74].

В силу того, что установлена положительная корреляция между направлением селекции на мясность и повышенной чувствительностью к стрессам в странах Евросоюза, была принята новая классификация свиных туш (SEUROП), основным критерием в которой является содержание и качество мяса в них. В соответствии с этими требованиями, все матки (чистопородные и терминальные родительские свинки – F₁), а также хряки-производители мясных пород, используемые в целях селекции и воспроизводства, должны быть свободными от носительства мутантного аллеля n в гене RYR1 [220-150].

В исследованиях немецких и австрийских биологов [166, с. 277-279; 222, 17] было проанализировано 405 свиней породы немецкий ландрас и установлено, что 52,8 % из них имели устойчивый к стрессу генотип RYR1^{NN}, 37,8 % - носители мутантного аллеля RYR1^{Nn} и 9,4 % - стрессчувствительных животных генотипа RYR1ⁿⁿ. Параллельные тесты методом галотановой пробы позволили выявить по фенотипу положительный тест на стресс HAL-реактивности только у животных с генотипом RYR1ⁿⁿ, что указывает на ограниченные возможности данного метода.

Аналогичные исследования, проведенные позже в России [69; 70, с. 674-680], подтвердили дискордантность (различия в проявлении фенотипических признаков у генетических близнецов) экспрессии HAL-реактивности по отношению к частоте встречаемости мутаций RYR1ⁿ. Было высказано предположение, что PSS-синдром свиней обусловлен

не единственной точковой мутацией, а многими, произошедшими в разных генах.

О весьма сложной и комплексной природе фенотипа галотанчувствительности как критерия PSS свидетельствуют многочисленные сообщения разных ученых [225-8, 147; 135, с. 141-142; 199, с. 145-156], которые также обнаружили явление дискордантности.

Как отмечает один из исследователей [239, с.176-179], в будущем, возможно, обнаружатся случаи MHS у свиней, не связанные с геном RYR1, что ставит под сомнение некоторые ассоциации, прежде казавшиеся неизбежными.

Таким образом, основываясь на достаточном объеме исследовательского материала о методах диагностики MHS, HAL-метода, иммуногенетических приемах и ПЦР-ПДРФ-методе о гене RYR1, мы можем диагностировать по его фенотипу и генотипу как индивидуально, так и у популяций различного уровня для разработки стратегии и методов профилактики стресса у свиней.

Установлено, что только метод ДНК-диагностики мутаций в гене RYR1 направлен на полное выявление генетической предрасположенности животных к стрессам на молекулярном уровне при изменении нуклеотидной последовательности гена, кодирующего одно из ключевых звеньев метаболических процессов, являющихся причиной свиного стресс-синдрома. Однако следует отметить, что отечественные породы свиней, особенно материнские, недостаточно изучены в русле данной проблемы в ассоциации с их продуктивностью и резистентностью молодняка.

1.4.1. Анализ генетической структуры популяций свиней по гену RYR1 в их ассоциации с продуктивностью

Проблемой изучения генетической структуры популяций свиней по полиморфизму гена RYR1 в ассоциации с продуктивными качествами в мире занимаются не более 15 лет. Получены многочисленные результаты, на которые следует обратить внимание.

Было отмечено, что интенсивная селекция на увеличение мясности и одновременно снижение содержания жира в туши привели к значительному ухудшению физико-химических или качественных характеристик свинины.

Отмечается парадокс: в стадах, где наиболее интенсивно идет селекция на увеличение содержания мяса в туше, наибольшее количество стрессчувствительных животных [129, с. 48-51].

Причиной данного осложнения в селекции является дисбаланс го-

меостаза в результате разнонаправленности биологических механизмов естественного и искусственного отборов, возникновение генных мутаций и фенотипическое проявление стресса как механизма защитной реакции организма и жизнеспособности популяции [174, с. 775].

Вследствие мутации в рианодин-рецепторном гене RYR1 происходит снижение естественной резистентности, ослабление гуморальных, тканевых и клеточных механизмов иммунитета, что приводит к увеличению непроемкого выбытия молодняка (падеж и вынужденная прирезка), снижению энергии роста и качества свинины откормочного молодняка, а также снижению воспроизводительных функций хряков и маток [28; 7, с. 43-49; 9, с. 2-3; 88, с. 2-4].

Между мутацией стресс-синдрома и общим уровнем генных и хромосомных мутаций существует прямая взаимосвязь [258, с. 564-569], например, повышение уровня полиплоидии в 1,54 ($P \leq 0,01$) раза и частоты хромосомных aberrаций в 1,6 ($P \leq 0,01$) раза.

Установлено значительное влияние в генотипах RYR1 на фенотипическую реализацию признаков продуктивности свиней: на признаки качества туш от 3,5 до 27 %, качество мяса – до 60 %, энергию роста молодняка – 10 % [194, с. 320-325].

Частотность проявления рецессивного аллеля RYR1ⁿ у большинства российских пород свиней составляет не более 7 % [69, с. 674-680].

Сравнительный анализ пород свиней по частоте генотипов показывает, что носителей генной мутации в гетерозиготной RYR1^{Nn} было больше у скороспелой мясной – 8 %, у крупной белой – от 2 до 8 %, в популяциях породы ландрас – от 3 до 15 % [193; 59, с. 7-9]. Следовательно, в целом в популяциях различных пород от 5 до 30 % животных имеют генетическую детерминацию фенотипического проявления стресса либо являются скрытыми носителями мутации [48, 141, 42-А, с. 25-27].

Если анализировать основную породу свиней в России – крупную белую (до 90 % от общей численности племенных животных), частотность распространения мутантного аллеля RYRⁿ в среднем составляет 0,04 с разбегом по хозяйствам от 0,03 до 0,06 [141].

Данные скрининга популяций на стрессносительство по мутации гена RYR1 свидетельствуют о том, что крупная белая порода в Российской Федерации еще не вовлечена в интенсивный отбор по мясным качествам, являясь одной из стрессрезистентных. О чем свидетельствует более высокая концентрация мутантного аллеля до 0,15 у животных данной породы эстонского генотипа с более высокими мясными качествами [245, 142].

По данным украинских биологов [246, 9; 135, с. 141-142], не опре-

делен генотип с мутантным аллелем RYR1ⁿ в популяциях свиней крупной белой и миргородской пород. Однако концентрация рецессивного аллеля в гетерозиготных генотипах свиней полтавской мясной породы составила до 20 %.

В Беларуси впервые комплексные исследования по изучению распространения стресс-синдрома свиней с помощью галотанового теста были проведены И.Н. Никитченко, В.В. Гориным и В.Н. Якушиком [97; 98, с. 85-87]. Установлены существенные различия по количеству стрессчувствительных животных между породами, линиями и помесным молодняком от 12,9 % у породы ландрас до 1,9 % у БКБ-1. Выявлено, что при двухпородном скрещивании (БКБ-1×БЧП; БКБ-1×ЭБ и БКБ-1×Л) количество животных генотипа (БКБ-1×БЧП) × ЭБ положительно реагирующих поросят было незначительное количество (3,5 %).

В собственных исследованиях [24-А, 25-А, 27-А], проведенных по аналогичной методике в то же время, было установлено наличие стрессчувствительных животных в исходных (1-й, 5-й и 6-й) специализированных линиях от 0,0 % (1-я линия БКБ-1 откормочный тип) до 7-16 % в 5-й и 6-й синтетических линиях. В шести вариантах двухлинейного кросса исходных линий содержание животных с положительной реакцией увеличилось в среднем только на 0,9 % и составило 3,2 %. В вариантах трехлинейной гибридизации произошло уменьшение таких животных до 2,1 % к 2,3 % к исходным линиям, что подтверждает установленную раньше закономерность о большей устойчивости гибридов к стрессу.

В сообщениях российских ученых [141; 156, с. 274-277] и многочисленных материалах зарубежных исследователей [233; 184, с. 97-105, 268, 269] приводятся данные о положительной ассоциации откормочных качеств у молодняка с генотипом RYR1^{NN} на более высоком уровне (выше на 7-15 %) по отношению к животным-носителям мутации в гетеро- и гомозиготной форме; RYR1^{Nn} и RYR1ⁿⁿ.

Однако взаимосвязи мясных качеств с генотипами по RYR1 гену имеют обратное значение и, как сообщают Zawada [273, с. 11-12] и Krzetio E. [215, с. 45-50], животные с генотипами RYR1ⁿⁿ и RYR1^{Nn} характеризуются мясными тушами, меньшей толщиной шпика по отношению к генотипу RYR1^{NN}.

В этих же исследованиях установлены и негативные ассоциации, связанные с ростом затрат корма и ухудшением качественных характеристик мяса (порок PSE) у животных-носителей точковой мутации аллеля RYR1ⁿⁿ. Как отмечалось ранее, свиньи, чувствительные к стрессу (PSS), имеют пороки мяса; PSE (бледное, мягкое, эксудативное) и DFD (твердое, сухое, жесткое).

Причиной первого порока является резкое повышение pH впервые 45 минут после убоя до 5,4-5,8 (норма-6,8-7,0), при этом значительно возрастают влагопотери мяса, и свинина, как технологическое сырье, непригодна для изготовления деликатесной продукции.

Порок «кислое мясо» связан с мутацией в гене RN (вареного окорока) и на полигенной основе в ассоциации с мутацией RYR1-гена, при этом в мясе после охлаждения туш падают значения pH, растёт электропроводность, что приводит к значительному падению коммерческой ценности туш из-за снижения потребительских и технологических свойств свинины [203, с. 919-932; 13, 18, 32, 40, 41, 59, 89].

Причиной более редкого порока мяса-синдрома DFD является блокировка под воздействием стресс-факторов в организме распада гликогена, высокий уровень pH₄₅ мин. и pH₂₄ час. из-за низкого содержания молочной кислоты в мышцах [170, с. 37-53; 171, с. 179-189; 140].

Мясо приходит в негодность из-за недостаточного бактерицидного воздействия молочной кислоты, микробиологических и биохимических процессов, ухудшающих цвет, запах, консистенцию и процессов разложения белка.

По мнению ряда отечественных и зарубежных авторов [40, 49, 50, 52, 89, 122, 141, 217, 219, 233], стрессустойчивость у свиней имеет характер неполного доминантного наследования и как генетически обусловленное свойство передается потомству в 20-40 % случаев, на что в значительной степени влияют паратипические факторы.

По мнению ведущих ученых Белоруссии [150; 152, с. 38-44] и Молдовы [30], влияние стресса в селекции и промышленном свиноводстве можно свести к минимуму, если в скрещиваниях использовать породы универсального направления продуктивности как материнские (устойчивые к стрессу) и специализированные мясные (носители стресса), так отцовские формы на финале, а помесный молодняк отправлять на убой.

Несмотря на более чем 30-летние усилия селекционеров всего мира, проблему стресса решить не удаётся, более того, в странах Западной Европы при убое только 16 % туш свиней имеют оценку «идеального» качества, а более 30 % бракуются по PSE и DFD-порокам. В сообщениях польских исследователей [215], 40 % туш имеют пороки PSE, 26,7 % - RSE и 33,3 % - ASE в тушах финальных гибридов, полученных с участием хряков породы пьетрен.

В Англии, Франции, Голландии, США и Швейцарии у животных со стресс-синдромом при убое выбраковываются до 42 % свиных туш [137, с. 47-49].

Наиболее часто пороки туш диагностируются в ценных отрубях – в

длиннейшей мышце спины, окороках. В Голландии эта проблема решена селекционными методами, а во Франции, Норвегии, Швеции и Финляндии ее пытаются решить с помощью кроссбридинга, однако эти попытки не решают полностью проблему качества мяса.

Немецкие ученые Kauffman R.G. и Fischer [204, 205; 184, с. 97-105] установили, что наибольшая концентрация точковой мутации гена $RYR1^n$ отмечается у мясных пород свиней с тонким шпиком (ландрас, пьетрен). Минимальное наличие мутации или вообще её отсутствие характерно для пород комбинированного типа (крупная белая, крупная черная) с более толстым шпиком, а, следовательно, более высокими вкусовыми качествами.

Повышение качества мяса возможно при осеменении устойчивых к стрессу маток генотипа $RYR1^{NN}$ хряками генотипа $RYR1^{Nn}$ и при этом не отмечается клиническое проявление стресса, сохраняются темпы роста молодняка и конверсия корма [170; 171, с. 179-185].

Относительно качества свинины у молодняка с гетерозиготным генотипом по $RYR1^{Nn}$ -гену только 43 % туш нормального качества, остальные – с PSE [170, 185].

Следовательно, необходимо исключать гетерозиготных животных из программ скрещивания для повышения качества мяса финальных гибридов, однако даже эти мероприятия не решают проблему полностью, и синдром PSE может сохраниться [225].

В исследованиях Křenkova N. et al. [214, с. 41-46] в послеубойных образцах мяса животных в гомозиготной рецессивной форме генотипа $RYR1^{nn}$ тестировались пороки PSE (около 46 %). Оптимизация технологических условий погрузки транспортировки убоя и отработки туш позволила до минимума сократить проявление PSE-синдрома туш, но для генотипа $RYR1^{nn}$ исключит полностью невозможно. В данном случае у животных с гетерозиготным генотипом не проявлялись клинически пороки мяса, а, следовательно, это не учитывалось в селекционных программах, и родители-носители и их потомство оставались в племенных стадах.

В работах Franch M. et al. установлено, что у животных с гетерозиготным генотипом в зависимости от технологических условий в 13-38 % проявлялись пороки мяса (PSE-синдром), их мясо имело предельно кислую реакцию pH_{45} мин. $\leq 5,8$ ед., что указывает на необходимость строгого соблюдения технологических условий предубойного содержания и убоя [185, с. 199-200].

Однако не во всех аналогичных исследованиях определялись достоверные различия по качеству мяса между генотипами свиней $RYR1^{NN}$ и $RYR1^{Nn}$ [203, с. 919-922].

Анализируя значительный объем вышеприведенной литературной информации и материалы собственных исследований по данной теме, отметим их разнообразие и неоднозначность выводов по проблеме диагностирования стресса у свиней и его фенотипических проявлениях различными методами от галотанового теста до ДНК-контроля.

Следовательно, данная тема требует более глубокого изучения, анализа и разработки селекционной стратегии с учетом генетических мутаций в RYR1-гене и особенно материнских пород свиней отечественной (БКБ, БЧП) и импортной селекции (Й) для получения от маток многочисленного, здорового и высокопродуктивного гибридного молодняка.

1.5. Повышение откормочных и мясных качеств свиней методами маркер-зависимой селекции

Основная задача селекционеров при решении проблемы увеличения производства свинины заключается в повышении генетического потенциала продуктивности свиней путем перехода к селекции по ограниченному числу признаков, в том числе по мясным и откормочным качествам с последующей дифференциацией пород, линий и заводских типов на материнские и отцовские формы [139, с. 26; 93].

Основными критериями отбора и создания более продуктивных генотипов по откормочным качествам являются следующие: возраст достижения живой массы 100 кг, среднесуточный прирост, затраты корма на 1 кг прироста [204, с. 283-300].

Уровень значений мясных качеств оцениваются при убое свиней с живой массой 100 кг, по убойному выходу, массе туши, длине туши, массе внутреннего жира, толщине шпика в четырех точках по линии хребта, площади «мышечного глазка», массе задней трети полутуши, выходу в туше мяса, сала и костей. По результатам контрольного выращивания, у свиней прижизненно измеряется толщина шпика, а в последнее время ультразвуковыми приборами Piglog-105 содержание мяса (прижизненно), высоту мышцы и площадь «мышечного глазка». При этом в селекции на повышение откормочных и мясных качеств свиней учитывается только та часть изменчивости признаков, которая детерминирована наследственностью. Установлено, что откормочные качества имеют среднюю величину наследуемости, а мясные качества – высокую. На основании этого планируется и проводится вся селекция по данным признакам, но значение коэффициентов наследуемости признаков имеют различные величины. Они зависят от уровня продуктивности в стаде, интенсивности селекции, методов вычисления, мето-

дов разведения и ряда других причин.

Как следует из работ В. Штала, из 32 признаков, по которым вычислялись коэффициенты наследуемости у свиней, наиболее высокой изменчивостью характеризовались: оплата корма – от 0 до 90 %, толщина шпика – от 10 до 95, среднесуточный прирост – от 5 до 80 и длина туши – от 10 до 90 %. В более конкретизированных и уточненных данных Г. Бажова [5, с.135-152](за 1970-2001 гг.) размах изменчивости по этим признакам был ниже и составил, соответственно, 14-56, 9-70, 6-50 и 20-90 %, связано это с унификацией технологических условий содержания, роста и генетического потенциала животных.

Указанные лимиты колебаний коэффициентов наследуемости свидетельствуют о довольно высокой генетической изменчивости откормочных и мясных качеств в популяциях и на сохранение возможности улучшения их селекционными методами.

Следует отметить, что интенсивная селекция на повышение откормочных и мясных качеств свиней невозможна без учета коррелятивных связей между признаками, закономерности которых заключаются в следующем:

1. В более тесной зависимости находятся между собой показатели, характеризующие откормочные качества свиней. Величины коэффициентов корреляции между скороспелостью и величиной среднесуточных приростов колеблются от 0,68 до 0,87, между затратами корма на прирост и скороспелостью – от 0,31 до 0,90, между затратами корма и среднесуточными приростами – от 0,32 до 0,98. Поэтому селекция на повышение скорости роста и сокращение сроков откорма положительно отражается на снижении расхода кормов на прирост. Значит, из отмеченной группы селекционируемых признаков наиболее эффективным может быть отбор по величине среднесуточных приростов. Условия генетических корреляций между среднесуточными приростами и оплатой корма находятся в пределах от 0,22 до 0,72.

2. Нейтральные или низкие коэффициенты корреляции между откормочными и мясными качествами дают основание считать, что эти признаки наследуются независимо друг от друга, и селекция по одним практически не влияет на изменчивость других. Следовательно, эффективной может быть только прямая селекция по двум группам признаков откормочной и мясной продуктивности.

Однако следует обратить внимание на наличие, хотя и незначительной, тенденции более тесной связи показателей мясности со скороспелостью. Коэффициенты корреляции среднесуточных приростов с показателями мясности вдвое ниже, чем со скороспелостью. Следовательно, при одновременной селекции свиней на повышение энергии

роста и улучшение мясности предпочтительнее оценку и отбор животных по откормочным качествам проводить по скороспелости.

3. Достаточно высокий прогноз уровня содержания мышечной ткани в туше с наибольшей вероятностью связан с другими косвенными признаками мясных признаков: толщиной шпика ($r=0,52$), площадью «мышечного глазка» ($r=0,53$) и массой задней трети полутуши ($r=0,53$). Однако два последних показателя можно получить только после убоя животных, тогда как толщина шпика измеряется не только на тушах, но и прижизненно ультразвуковыми приборами. Именно последнее обстоятельство послужило основанием для использования прижизненно измеряемой толщины шпика в качестве основного показателя отбора при селекции свиней на улучшение мясных качеств. Коэффициенты корреляции между толщиной шпика и содержанием мышечной ткани в туше изменяются в довольно узком диапазоне – от 0,35 до 0,79. Снижение толщины шпика связано с увеличением мышечной ткани и уменьшением количества сала в туше ($r=0,60$). Именно на этом принципе построен алгоритм оценки содержания мяса на ремонтном молодняке прибором Piglog-105, который сейчас широко применяется.

4. Меньше всего информации о мясных качествах свиней дает показатель длины туши. Корреляция этого признака с выходом мышечной ткани, массой окорока и площадью «мышечного глазка» укладывается в интервал от 0,02 до 0,12, с толщиной шпика и содержанием сала в туше от 0,11 до 0,17. Следовательно, можно говорить лишь о весьма слабой тенденции улучшения мясности туш с увеличением их длины. Очень низка корреляция длины туши со скоростью роста и оплатой корма ($r=0,05$). Так что единственная цель, которая в какой-то степени оправдывает использование промера длины туш при отборе свиней, это оценка пригодности туш для переработки на бекон.

Наиболее объективным и комплексным методом оценки генотипа свиней по мясным и откормочным качествам считается оценка хряков и маток по качеству потомства методом контрольного откорма, способным выразить суммарный эффект всех факторов, применяемых селекционерами с целью улучшения продуктивности свиней. Широкую популярность этому методу придает то, что он позволяет оценивать генотип животного одновременно по всем наиболее важным признакам продуктивности: скороспелости, эффективности использования кормов и мясности, т. е. по тем признакам, по которым осуществляется селекция свиней в большинстве племенных хозяйств.

Однако успехи генетики в деле изучения закономерностей наследования признаков и их использования их с целью управления эволюционным процессом показывают, что в широких масштабах метод кон-

трольного откорма может быть заменен более доступными. К таким массовым и практичным методам можно отнести контрольное выращивание ремонтного молодняка и оценка в секторах выращивания и элеверах как по собственной мясо-откормочной продуктивности животных, так и по боковым родственникам (сибсам-полусибсам) и также среднепопуляционными значениями групп оцениваемых животных, линий, типов и пород.

С целью компромиссного решения проблемы повышения точности оценки племенной ценности животных по собственной продуктивности и упрощения оценки по качеству потомства методом контрольного откорма учеными разработано несколько комбинированных методов оценки генотипа свиней, сочетающих фрагменты контрольного выращивания и откорма [205, с. 28-34]. Однако, несмотря на все применяемые методы, в нашей республике в среднем по породам свиней в период с 1995 по 2005 гг. удалось увеличить среднесуточные приросты животных на откорме всего лишь на 22-50 г, массу задней трети полутоуши – на 0,3-0,5 кг, площадь «мышечного глазка» - на 1,2-2,2 см², толщину шпика снизить на 1-1,5 мм. Подобный результат селекции связан как с отрицательным влиянием паратипических факторов, так и сложившейся в республике системой селекционно-племенной работы в свиноводстве, которая, как правило, замыкается в рамках отбора и подбора животных по фенотипу. Ускорению генетического прогресса препятствует и отсутствие более совершенных методов оценки комбинационной способности пород свиней, а также адекватной оценки отдельных племенных животных на уровне генома, то есть по их истинному генетическому потенциалу [40].

Следовательно, для достижения высокой племенной ценности и продуктивности свиней, в том числе откормочных и мясных качеств, разводимых в республике пород и гибридного молодняка, необходимо внедрение передовых методов ДНК-технологий. При этом определяются генетические маркеры, отвечающие за определенные показатели продуктивности, и исключаются из селекционного процесса животные с генными мутациями, которые вызывают снижение продуктивности и ее качество [152, с. 38-44].

Как сообщают ряд исследователей, при интенсивной селекции на повышение мясной продуктивности использование маркерных генов позволяет значительно повысить эффект селекции [4, с. 94-96; 39, с. 58-59].

Комплексное влияние методов классической и маркерной селекции позволило значительно ускорить эффект селекции по мясо-откормочной продуктивности и в ряде наших исследований [33-А, 35-

А, 37-А, 39-А; 41-А, с. 81-85; 42-А, с. 27-34].

Важнейшими селекционными признаками свиней являются мясная продуктивность и качество мяса при производстве постной свинины. Однако при высоком среднесуточном приросте и низких затратах корма практически исчезли такие качественные показатели, как ароматность, сочность и нежность мяса. Основной из причин ухудшения технологических качеств свинины – резкое снижение содержания в ней внутримышечного жира [71, 72, 73].

Ген связанного белка жирных кислот (Н-FABP) рассматривается как маркер содержания внутримышечного жира у свиней [188, с. 347-354; 237, с. 750-756; 221; 153, с.112-115].

Данный ген локализован на длинном плече 6 хромосомы [190, с. 328-331; 245, 274; 227, с. 3-48].

В ходе исследований в гене Н-FABP было выявлено три аллеля: А, D и Н, обуславливающих три типа полиморфизма генов (АА, Аа и аа; DD, Dd и dd; НН, Нh и hh). Сейчас уже установлено, что предпочтительным с точки зрения селекции является генотип aaddНН [232, с. 144-150; 41-А, с. 81-85; 42-А, с. 27-34].

Как было установлено ранее нами и подтверждено позже, ген Н-FABP связан с такими показателями откормочной и мясной продуктивности у свиней, как энергия роста, среднесуточный прирост, площадь «мышечного глазка», затраты корма, длина туши, толщина шпика, масса окорока и выход мяса в туше [33-А, 35-А, 37-А, 39-А, 41-А, с. 81-85, 42-А, с. 27-34].

Анализ результатов генетических тестов свиней крупной белой и белорусской мясной пород позволил выявить частоту встречаемости аллеля генотипов D и Н гена Н-FABP. По аллелю А полиморфизм не был выявлен. Все животные имели генотип АА.

Частота встречаемости предпочтительного генотипа dd у свиней крупной белой породы составила 49,3 %, у белорусской мясной – 34,8%, а генотипа НН – соответственно, 80,3 и 71,4 %. Нежелательные аллели D и h у изучаемых пород свиней присутствовали примерно в одинаковой степени – соответственно, 0,32-0,34 и 0,14-0,17 %.

Степень влияния данного гена на продуктивность свиней была установлена в ходе исследований, проводившихся в условиях КИСС СГЦ «Заднепровский» Витебской области и Гродненской КИСС на откормочном молодняке свиней крупной белой и белорусской мясной пород.

Установлена устойчивая положительная тенденция роста всех откормочных и мясных качеств свиней крупной белой породы с предпочтительными генотипами dd и НН. Отмечено достоверное снижение

толщины шпика на 4,1 и 8,0 % у животных с генотипами dd и HH по сравнению с рецессивными гомозиготными генотипами DD и hh. У свиней с предпочтительными генотипами площадь «мышечного глазка» была выше на 12,5-8,1 %, а скорость роста – на 0,79-3,3 %. Следовательно, по продуктивности свиней крупной белой породы можно установить следующее приоритетное соотношение генотипов: dd>Dd>DD и HH>Hh>hh [42-А, с. 27-31; 156, с. 2784-278].

Анализ сочетаний генотипов по Н-FABP в ассоциации с продуктивными признаками указывает на достоверную тенденцию к увеличению прироста живой массы, снижению толщины шпика и повышению площади «мышечного глазка» у животных, несущих сочетания генотипов dd-HH и -Dd-HH по сравнению с генотипом -Dd-hh. Среднесуточный прирост живой массы у них был выше, соответственно, на 15,3 и 13,9 %, толщина шпика ниже на 15,7 и 14,7 % по сравнению с сочетанием Dd-hh. Эта тенденция распространяется также на все остальные показатели откормочной и мясной продуктивности свиней крупной белой породы. Животные, несущие гетерозиготные генотипы Dd-Hh, занимают промежуточное положение.

Дальнейшие исследования, проведенные на откармливаемых животных белорусской мясной породы, подтверждают вышеизложенные результаты. Отмечена устойчивая положительная тенденция роста продуктивности животных с генотипом HH и hh по скорости роста (на 0,62 и 2,5 % выше) и толщине шпика (на 0,4 и 3,1 % ниже). Аналогичную тенденцию можно отметить и по генотипам D-системы. При этом надо отметить преимущество предпочтительного генотипа dd по показателям продуктивности животных.

Результаты контрольного откорма свиней белорусской мясной породы в зависимости от сочетаний генотипов по Н-FABP показали тенденцию к увеличению прироста живой массы и снижению толщины шпика у свиней, несущих предпочтительные сочетания генотипов dd-HH и Dd-HH, по сравнению с Dd-hh (скорость роста – 808, 822 и 795 г, толщина шпика – 22,4, 22,8 и 23,3 мм). Данная тенденция распространяется и на затраты корма, и на длину туши животных.

Таким образом, было выявлено, что тип полиморфизма гена Н-FABP оказывает определенное влияние на некоторые откормочные и мясные качества свиней крупной белой и белорусской мясной пород [33-А, 35-А, 71, 72, 73].

1.6. Маркер-зависимая селекция в профилактике заболевания свиней колибактериозом

Проблеме профилактики желудочно-кишечных болезней уделяют внимание многие исследователи, тем не менее, она остается весьма актуальной [37, с. 128]. В большинстве свиноводческих хозяйств с непрерывной системой опоросов по этой причине гибель молодняка составляет 20-30 %, что приводит к значительному экономическому ущербу, издержкам и снижению прибыли при производстве свинины [117, с. 56-59].

Основным фактором в возникновении желудочно-кишечных заболеваний новорожденных поросят являются различные виды микроорганизмов (стрептококки, вибрионы, кишечная палочка), выделяемые при бактериологическом исследовании из кишечника и внутренних органов новорожденных животных, павших от диареи [99, с. 7].

Колибактериоз – острое инфекционное заболевание, чаще всего протекающее с признаками диареи, интоксикации, расстройств сердечно-сосудистой и центральной нервной систем [2, с. 120; 87, 322-110].

Основными причинами, способствующими широкому распространению болезни, особенно в хозяйствах промышленного типа, является высокая концентрация животных на ограниченной территории, невыполнением ветеринарно-санитарных норм на свинофермах, отсутствием эффективных мер профилактики и лечения [15, с. 23-25].

Возбудитель – *E. coli* – грамотрицательная бактерия с закрученными концами, длиной 2-3 и шириной 0,4-0,6 мкм, часто обладающая подвижностью за счет перетрихально расположенных жгутиков [157, 80].

В обычном состоянии организма кишечная палочка является постоянным обитателем кишечника всех животных и оказывает несомненную пользу в ходе пищеварения. Однако при ослаблении его сопротивляемости и нарушении деятельности кишечника свойства *E. coli* изменяются, создаются патогенные штаммы, которые отрицательно влияют на здоровье животных [146, 31].

Одним из основных способов дифференциации штаммов *E. coli* служит серотипирование. Его проводят по четырем группам поверхностных антигенов: соматическим липополисахаридным (O), капсульным (K), жгутиковым (H) и пильным (F) [116, с.42-43]

Заболевания у свиней вызывают штаммы *E. coli*, продуцирующие следующие токсины:

1. Эндотоксины, которые являются общими для всех грамотрица-

тельных бактерий. Они считаются ответственными за эндоксиновый бактериально-токсический шок, повышенную чувствительность и аллергические реакции;

2. Энтеротоксины, которые проявляют свою активность в кишечном тракте животных, где в результате их стимулирующего действия тонкий кишечник секретирует жидкость, приводящую к диарее и блокировке всасывания питательных компонентов.

3. Нейротоксины, которые поглощаются из кишечника и приводят к явным нарушениям работы центральной нервной системы. Считается, что они вызывают так называемую отечную болезнь [104, с. 4-6].

Пильные серогруппы *E. coli* продуцируют специфические адгезины – факторы прикрепления к соответствующим рецепторам энтероцитов тонкого кишечника (K88 ab, ac, ad (F4), 987P (F6), K99 (F5), F41, F165, F42, CS 1541), в результате чего поступающие токсины прекращают жидкоабсорбирующую деятельность эпителиальных клеток, что приводит к развитию диареи [202, с. 157-162].

Патогенные серогруппы кишечной палочки могут вызывать у молодых поросят (до 21-дневного возраста) колибактериоз, который может проявляться колиэнтеритом, колисепсисом и колиэнтеротоксемией, у отъемышей – отечную болезнь, у свиноматок и хряков – поражение мочеполовых путей. Особенно опасным в условиях свиноводческих комплексов является колибактериоз новорожденных поросят [111, с. 67; 3, с. 10-17].

Из специфических адгезинов при колибактериозе поросят наиболее важную роль играют F18 [187, с. 129-161; 181, с. 17-39] и F4 (K 88). Установлено, что причиной возникновения колибактериоза у новорожденных поросят и в начале подсосного периода является, в основном, *E. coli* с типом фибрий F4 (K 88), в то время как послеотъемная диарея вызывается адгезинами F18 [34, с. 3-22; 193, с. 395-402; 42-A, с. 37-39].

Колибактериоз является проблемным заболеванием для свинокомплексов России и Беларуси и для эффективной борьбы с этой болезнью помимо известной специфической и неспецифической профилактики требуется привлечение дополнительных качественно новых средств [76, с. 17].

Одним из наиболее эффективных и экономически выгодных является использование в селекции генетически устойчивых особей [26, с. 31-32].

В качестве возможных генетических маркеров, представляющих практический интерес в свиноводстве, а также для повышения резистентности и сохранности поросят можно рассматривать ген рецептор ECRF18 / FUT1 и F4 (MUC4). В основе полиморфизма гена F4 (MUC4)

лежит точечная мутация С→G в позиции 243 в 17 интроне [64, с. 61-65], при этом предполагается, что желательным с точки зрения устойчивости к диарее является аллель А [246, с. 397-400]. Причиной полиморфизма гена ECRF18 / FUT1 является точечная мутация А→G в позиции 307.

Как установлено в наших исследованиях, которые подтверждаются российскими авторами, свиньи, имеющие генотип GG или AG, предположительно являются восприимчивыми к колибактериозу, а генотип AA – устойчивыми [40-А, с. 6-7; 86, с. 123-125; 44-А; 226, с. 736-741].

По результатам анализа исследования свиноматок плановых пород Республики Беларусь установлена частота встречаемости аллелей генотипов гена ECRF18. При этом встречаемость чувствительного к колибактериозу аллеля G у различных пород относительно высока: от 46% у свиней породы ландрас до 77 % у животных крупной белой породы. Самая высокая частота встречаемости устойчивого к колибактериозу генотипа AA наблюдалась у животных мясных пород: белорусская мясная – 16 %, ландрас – 11,2 % [59-А, с. 9-11].

Нами было установлено, что у основной плановой породы свиней нашей республики – крупной белой – следует ожидать относительно высокую частоту встречаемости нежелательного аллеля G в гене ECRF18, что значительно усложняет задачу профилактики колибактериоза немедикаментозными методами [61-А, с. 116-119].

Была установлена взаимосвязь между генотипами свиноматок по гену ECRF18 с уровнем заболеваний колибактериозом их молодняка [63-А, с. 71-72].

Значения частот встречаемости данного заболевания у потомства свиноматок с генотипом AA была в 1,98 раза ниже, чем у животных с генотипом GG, что позволяет говорить о наличии тенденции влияния генотипов гена ECRF18 на проявление колибактериоза у поросят-отъемышей.

В наших комплексных исследованиях, проведенных в РУСПП «Свинокомплекс Борисовский» Минской области, были выявлены частоты встречаемости генотипов гена ECRF18. Как у свиноматок, так и у хряков они были близки: А – 0,17-0,20; G – 0,80-0,83, соответственно [50-А, с. 38-43].

Установлена взаимосвязь сохранности поросят от матерей с их генотипами в вариантах AA и AG была выше на 5,5 и 2,8 п. п. по отношению к животным с генотипом GG.

В наших исследованиях установлено, что генотип отца в вариантах подбора оказывает определенное влияние на показатели продуктивности свиноматок крупной белой породы по гену ECRF18. При наличии

аллеля А в генотипе как матери, так и отца (AG x AG) сохранность поросят достоверно повышалась на 11,6 п. п., или только матери или отца (AG x GG и GG x AG) – на 10,1 и 9,1 п. п., соответственно, по сравнению с потомством родителей, несущих в генотипе только аллель G. Установлено, что наиболее высокое и достоверное частотное влияние генотипа матери на ее продуктивность было по массе гнезда при отъеме, которое у животных, несущих аллель А, было на 9,0-12,2 п.п. выше, чем у родителей с генотипом GG [52-А, с. 98-102].

Вопросы практического использования методом маркерной селекции усложнены тем фактом, что ген ECRF18 расположен на одной хромосоме (6) с геном рианодинового рецептора RYR 1 – главного гена, обуславливающего чувствительность свиней к стрессам. Более того, мутантный аллель G в высокой степени сцеплен со стрессустойчивым аллелем N гена RYR 1 свиней, поэтому в практике наблюдается отрицательная тенденция снижения устойчивости к колибактериозу у генотипов с высокой стрессустойчивостью [41-А, с. 80-81].

1.7. Генетическая оценка свиней по ДНК-микросателлитам

Интенсификация пороодообразовательного процесса в свиноводстве ставит перед селекционерами задачу целенаправленного формирования генетической (линейной) структуры заводской или породной популяции или создание ряда генетически различающихся и консолидированных линий животных [98-А, с. 99-102].

Эффективное решение этой задачи, наряду с использованием традиционных методов селекции и зоотехнического анализа, требует внедрения новых подходов, основанных непосредственно на оценке генотипа.

Наиболее перспективным и точным методом оценки истинной генетической структуры породы является использование ДНК-микросателлитов, на долю которых приходится до 30 % генома сельскохозяйственных животных [251, с. 231-245; 261, с. 6463-6471].

Высокополиморфный характер и менделевский тип наследования микросателлитов характеризует их как идеальный инструмент для выявления степени генетических различий между породами, группами (линиями) животных, оценки и управления степенью инбредности, поддержания оптимального уровня гетерозиготности стада, сохранения в потомстве уникальных генетических профилей, свойственных определенным линиям, стадам, типам и породам свиней. Этот метод получил широкое практическое применение в зарубежной селекционной практике [156, с. 294-305; 112, с. 155-158].

Учеными ВИЖ данный метод используется для оценки генетического сходства пород различного происхождения для овец, КРС и свиней [74, с. 6-9; 22, 24]. Полученные результаты позволили более обосновано, и эффективно планировать селекционно-племенную работу с породами. В классификации генетических маркеров (ДНК-маркеров) микросателлитный анализ относится к маркерам типа II, базируются на повторяющихся последовательностях, отличающихся высокой степенью полиморфизма.

Данные повторяющиеся последовательности подразделяются на два класса: дисперсные последовательности и тандемные повторы. Дисперсные последовательности в зависимости от длины классифицируются на два класса: длинные интерсперсионные элементы (LINEs) длиной более 100 п. о. и короткие интерсперсионные элементы (SINEs) длиной менее 500 п. о.

Функции этих элементов пока ещё не изучены и не отличаются межвидовой консервативностью. К примеру, между SINEs КРС и свиней не выявлено гомологии [270, с. 433-456; 220, с. 33-39]. Тандемные повторы – это повторение определенных последовательностей в ориентации «голова к хвосту». Поскольку в них в одном локусе повторяется один и тот же мотив, эти последовательности получили название сателлитов.

В силу большой вариации числа тандемных копий в сателлитах они нашли применение в качестве высокоинформационного генетического маркера у сельскохозяйственных животных. У животных различных видов число повторов сильно варьирует и характеризуется степенью гетерозиготности более 90 %.

В зависимости от длин повторяющихся участков их подразделяют на несколько классов: макси-, мини- и микросателлиты [156, с. 254-270; 189, с. 151-159]. К максисателлитам относят повторяющиеся последовательности локуса с общей длиной более 5×10^5 п. о. Если общая длина повторяющихся фрагментов составляет от нескольких тысяч до 30 тысяч п. о., речь идет о минисателлитах. Длина мотивов в них составляет от 10 до 60 пар оснований [197, с. 76-79]. Микросателлиты нашли применение в так называемой геномной дактилоскопии для контроля происхождения. Однако этот метод имеет низкую точность, так как основан лишь на определении различий в молекулярной массе.

В силу этого, фрагменты ДНК одинаковой длины, имеющие одинаковые повторяющиеся последовательности и случайно одинаковое число повторов, но имеющие различные фланкирующие последовательности, поэтому относимые к двум разным локусам, которые не могут быть точно идентифицированы.

В связи с этим, более широкое распространение для определения генетического полиморфизма нашли микросателлиты. В данном случае, речь идет о фрагментах ДНК различной длины, образующегося в результате разного числа копий очень коротких повторяющихся последовательностей, ограниченных с обеих сторон однокопийными последовательностями. Однако в случае с микросателлитами длина фрагментов не превышает 350 п. о., а длина мотива составляет от 1 до 5 п. о. [22].

В настоящее время у свиней диагностировано более 400 микросателлитных маркеров. Так как микросателлиты характеризуются большей степенью полиморфизма по сравнению с ПДРФ, такие маркеры будут играть всё большую роль в изучении генома животных.

Генетические маркеры могут использоваться для локализации QTL, если между ними существует тесное сцепление. С этой целью требуется наличие полных карт маркеров, что означает идентификацию маркеров, которые плотно покрывают весь геном [159, с. 21-28; 77, с. 97-98; 91], с другой стороны, наличие информативных семейств, в которых в последующем проводится анализ наследования маркеров и QTL.

Косегрегация, или параллельное наследование, означает, что оба локуса тесно сцеплены. Следовательно, выявление полиморфизма маркера позволяет использовать его для изучения наследования аллелей QTL или наследственных дефектов.

Микросателлиты находят применение в качестве маркерных систем при решении фундаментальных и прикладных проблем биологии и биотехнологии, таких как геномное картирование, характеристика генетической структуры популяций и степени инбредности, оценки генетических расстояний между линиями, породами и популяциями, филогенетические исследования и контроль происхождения [91, с. 4-9; 90, 66].

Контроль происхождения (отцовства) племенных животных методом МС-анализа широко применяется в мире, в том числе в РФ и на Украине [16, 17; 77, с. 97-98], и является обязательным условием для ведения селекционной работы.

По сравнению с традиционным методом контроля происхождения животных (анализ систем групп крови) использование ДНК-микросателлитов имеет ряд преимуществ, таких как возможность использования любого биологического материала (кровь, сперму, ушные пробы), меньшая трудоемкость и более высокая производительность, автоматическая обработка, сохранение первичных данных и документация результатов анализов в электронном виде [156, с. 234-235].

В этой связи исследование ДНК-микросателлитов может рассмат-

риваться как более точный и современный метод генетического контроля происхождения животных их линейной и породной чистоты, а так же уровня гетерозиготности исследуемых генотипов, что очень важно в практической селекции. Для внедрения ДНК-микросателлитного анализа животных необходимо выделить спектр локусов и оценить их информативность. Она определяется, с одной стороны, числом аллелей, с другой – равномерностью их распределения в популяции. Для этого необходимо выбирать информативные микросателлиты, то есть со средним числом аллелей не менее 8-ми и частотой встречаемости отдельных аллелей не менее 5 %. Методы МС-анализа хорошо освоены и широко используются учеными Центра биотехнологии и молекулярной диагностики ГНУ «ВНИИЖ» [24, с. 47-48; 112, с. 155-158; 113, 114, 115].

Наиболее распространенным методом микросателлитного анализа является ПЦР (полимеразно-цепная реакция), которая как метод была впервые предложена Weber с соавторами в 1989 году [267] для исследования диспергированных повторов: $(dC-dA)_n, (dG-dT)_n$, как наиболее распространенных семейств повторов в ДНК человека.

Впоследствии были разработаны чрезвычайно эффективные методы анализа микросателлитов. Исследователь Diehl с соавторами [177, с. 177] предложил использовать праймеры, меченые флуоресцентным красителем, для ПЦР-анализа динуклеотидных повторов с последующей детекцией продуктов реакции с помощью автоматического лазерного детектора.

Позже Ziegl с соавторами [22] разработали автоматизированный метод анализа тандемных повторов с помощью стандартных автоматических секвенаторов ДНК. Они предложили метить праймеры 3-мя различными флуоресцентными красителями, что позволяет анализировать не менее 3 образцов на одной дорожке. Это позволило резко поднять производительность метода и повысить точность определения длин фрагментов до 0,05 п. о.

В настоящее время стандартной методикой анализа ДНК-микросателлитов с известными фланкирующими последовательностями является мультиплексный ПЦР (реакция с несколькими парами праймеров) с последующим разделением продуктов амплификации методом капиллярного электрофореза и их одновременной лазерной детекцией [55, с. 73-74; 144, с. 44-51].

Автоматизация методики микросателлитного анализа сделала возможным исследование большого числа проб за короткое время и предопределила рутинное её использование в повседневной лабораторной практике [77, с. 97-98]. Для анализа ДНК-микросателлитов использу-

ются автоматические системы для генотипирования Mega-BACE 500 и ABI 3730x1. Суть метода заключается в проведении мультиплексных ПЦР с мечеными праймерами и последующим разделением продуктов посредством капиллярного электрофореза и лазерной детекцией длин амплифицированных фрагментов. Например, для исследования овец, согласно рекомендациям Международного общества генетиков, смоделировано две мультиплексные панели, включающие 12 микросателлитных локусов [112, с. 155-158; 114, 115].

К первой и второй МС-панелям относятся следующие локусы: SO 155; SO 355; SO 386; SO 24; SW 24; SW 72; SW 951. Данные локусы имеют по два различных аллеля, отличающиеся различными числами, означающими их длину в парах оснований. Например, в микросателлиты SO 155 первой панели с длинами 161 и 163 п. о., а во второй с длинами 211 и 213 п. о. [93, с. 149-153]. Данная система пригодна как для контроля достоверности происхождения свиней (методом сравнения аллелей МС-локусов по двум сайтам панели триады: отец-мать-потомок), так и для контроля внутрilineйной структуры стада, что особенно важно для практической селекции и планирования стратегии совершенствования пород, линий и типов свиней [60, с. 46-51; 77, 23]. Характеристика животных по микросателлитам и расчетные значения общих аллелей для каждой особи позволяет наиболее точно определить, находятся ли животные, составляющие общую группу, в близком родстве и на основе данных построить индивидуальные или групповое (гнездовое) филогенетическое дерево.

К примеру, анализ заводской популяции свиней крупной белой породы заводского типа « Ачинский» Краснодарского края по четырем линиям показал [156, с. 240-243], что число аллелей в локусах варьировало от 2 до 9. По линиям составляло в среднем: в линии Свата – $5,00^{+0,57}$, в линии Сталлактита – $4,58^{+0,37}$, в линии Самсона – $4,58^{+0,30}$ и в линии Драчуна – $4,50^{+0,33}$. Это позволяет рассматривать данные локусы как информативные для характеристики линейной и внутрilineйной структуры изучаемой группы животных.

Одним из критериев оценки генетических различий между линиями является значение индекса фиксации F_{st} при парном сравнении. Генеалогические линии, имеющие при сравнении минимальные генетические дистанции, характеризуются общностью происхождения и могут быть объединены, а с большим различием дистанции удалены и подтверждают свои генеалогические особенности как генеалогические или заводские линии в породах. В проведенных исследованиях минимальные различия обнаружены между линиями Сталлактита и Драчуна и минимальные между ними и линией Самсона.

Графическое изображение сравнительного анализа генетических дистанций изучаемых линий позволяет создать дендрограмму филогенетического родства или генеалогического древа заводской или породной популяций животных.

Аналогичные исследования были проведены автором [98, с. 99-102] на заводской популяции свиней СГЦ «Заднепровский», включающей 8 заводских линий, и было установлено фактическое генетическое родство, создана дендрограмма и проведена некоторая коррекция в стратегии племенной работы с популяцией.

Учитывая, что до сих пор в Республике Беларусь не проводились научные исследования, аналогичные исследованиям, результаты которых изложены выше, следует проводить МС-анализ племенных свиней в комплексе селекционно-генетических исследований. На основании этого следует устанавливать фактический генетический профиль животных и генеалогических структур.

Это позволит значительно интенсифицировать породообразовательный процесс разработать концептуально новую стратегию племенной работы для решения практических вопросов роста продуктивности, как исходных родительских форм, так и финальных гибридов для производства конкурентоспособной свинины.

1.8. Цитогенетические методы в селекции свиней и использовании кариотипирования

Эта группа методов, имея длинную историю, в настоящее время продолжает быстро развиваться. Цитогенетические методы анализа приобрели особую важность в связи с необходимостью составления генетических карт хромосом сельскохозяйственных животных.

Кариотип свиней состоит из 38 хромосом, 18 пар артосом и половых хромосом. Анализ кариотипа позволяет точно идентифицировать каждую хромосому набора, определить гомологичные хромосомы и пронумеровать хромосомы согласно стандартной номенклатуре кариотипа.

Кариотипический анализ позволяет совершенно точно определить у каждого животного: модальное число хромосом, генетический пол, наличие или отсутствие хромосомных aberrаций и т. д.

Исторически цитогенетические методы анализа имеют особую важность в связи с необходимостью выявления у сельскохозяйственных животных носителей цитогенетических аномалий, приводящих к нарушению жизнеспособности, функции воспроизводства и накоплению «генетического груза» в стадах.

Кариотип характеризуется постоянством и стабильностью. Под воздействием естественного и искусственного отбора практически у каждого животного происходят изменения хромосомного аппарата, у отдельных особей, в частности, в отдельных клетках и во всех клетках организма. Уровень спонтанных изменений кариотипа является важным критерием определения племенной ценности свиней.

У животных частота встречаемости хромосомных транслокаций зависит от видовой, породной и линейной принадлежности.

С использованием потомка радиомутанта, т. е. кариологически маркированного хряка, в случае реципрокной транслокации происходит снижение многоплодия свиней, вызванное ранней гибелью эмбрионов, несущих несбалансированный вариант транслокации [42; 43, с. 279-301; 46].

Степень фенотипического проявления хромосомной перестройки реципрокной транслокации у свиней зависит от уровня презиготического, направленного против абберрантных гамет и летального действия несбалансированных вариантов транслокаций.

Абсолютное большинство хряков, несущих реципрокную транслокацию, характеризуются нормальным проявлением половых рефлексов, удовлетворительной спермопродукцией. У них не обнаружено, как правило, морфологических и физиологических изменений. Случаи, когда реципрокные транслокации приводили к нарушению нормальному сперматогенезу, описаны лишь единичные случаи.

У свиней установлена отрицательная взаимосвязь между частотой спонтанных нарушений кариотипа в соматических клетках и уровнем репродуктивной функции. Эти данные подтверждают и исследования Джапаридзе С.Т. [35].

Завада А.Н. [42; 43, с. 279-301; 44, с. 168-169; 45, с. 92-93; 46, с. 93-94], изучая структурные особенности хромосом свиней цивильской породы, показал наличие двух структурных типов измененных акроцентрических хромосом. Измененные акроцентрические хромосомы только одного типа присутствуют у каждого из 16 хряков-производителей.

Высокий общий уровень анеуплоидии и гиперплоидии при сопоставлении с другими породами уровнем полиплоидии отмечают у свиней цивильской породы [46].

Цитогенетическое обследование 12 хряков цивильской породы в возрасте 22-24 месяца, проведенное впервые, показало, что у них обнаруживается не только довольно высокий общий уровень анеуплоидии, но и высокий уровень гиперплоидии при сопоставимом с другими породами уровнем полиплоидии.

Стабильность хромосомного набора является одним из основных условий нормальной жизнедеятельности организма. У свиней различные нарушения в кариотипе влияют в первую очередь на репродуктивную функцию, что проявляется в снижении многоплодия животных. В связи с этим в странах с развитым животноводством существуют программы генетического мониторинга, включающие в качестве обязательного элемента цитогенетические исследования, как сообщают российские исследователи Л.Г. Майсейкин и П.М. Кленовицкий [91, с. 4-9].

По мнению П.М. Кленовицкого и др. [66], хромосомные аберрации можно разделить на две группы: конституциональные – присущие всем клеткам, унаследованные от родителей или возникшие в процессе созревания гамет, и соматические – возникающие в отдельных клетках в ходе онтогенеза. Особое влияние на фенотип свиней имеют ядрышковые организаторы рибосомной РНК во взаимодействии с группой кластеров ДНК 8 и 10 хромосомы [67, с. 9-10]. Оценка кариотипа свиней на предмет структурных аномалий во взаимосвязи с нарушением фенотипа имеет определяющее значение в селекции [68, с. 53-55].

У домашних свиней конституциональные аномалии представлены главным образом реципрокными транслокациями (взаимными обменами фрагментов хромосом), значительно реже встречаются Робертсоновские транслокации (слияния акроцентрических хромосом) и инверсии. Робертсоновские транслокации связаны с изменением числа двухплечих хромосом и у большинства видов могут быть выявлены на основании визуального анализа и подсчета числа хромосом. Идентификация других типов конституциональных аномалий возможна только на основании кариотипирования. Соматические аберрации выявляют путем микрофотографирования метафазных пластинок. В ряде случаев целесообразно выборочное кариотипирование.

Известно, что породы свиней характеризуются разной частотой распространения хромосомных аномалий. С этой целью мы провели выборочное цитогенетическое обследование хряков в селекционно-гибридном центре «Заднепровский». Было обследовано 14 хряков, установлено, что все животные имели нормальный кариотип, соответствующий видовой норме [36, с. 108-110; 41, с. 69-73; 42, с. 16-20; 49, с. 178]. Диплоидное число хромосом у них было равно 38. Хромосомный набор содержал 12 пар двухплечих хромосом и 6 пар акроцентриков без каких-либо конституциональных нарушений. Состав половых хромосом у всех хряков соответствовал биологическому полу.

Как видно из приведенного материала количественный, видовой и структурный состав кариотипа соответствуют норме, без изменений.

Уровень спонтанных нарушений хромосом по выборочной оценке в среднем составил 7,5 %. Для примера укажем, что при выборочной оценке помесей ландрас × крупная белая в экспериментальном хозяйстве ВИЖ этот показатель был равен 3,12 %, а у хряков породы ландрас из ГПЗ им. Цветкова наблюдался повышенный уровень – 12,3 %.

Следовательно, в практической селекции очень важно при закладке генеалогических структур, породообразовательном процессе и апробации селекционных достижений проводить кариотипирование. Таким образом, можно считать, что спонтанная изменчивость хромосом у хряков в СГЦ «Заднепровский» находится в пределах генетико-биологической нормы (10 %). Справедливостью этого утверждения подтверждается и тем, что у всех обследованных хряков спонтанные аберрации хромосом были представлены единичными генами и разрывами, что характерно для естественного уровня изменчивости хромосом. Ни в одной из клеток не было обнаружено транслокаций и дицентрических хромосом, являющихся индикаторами действия эндогенных или экзогенных факторов, вызывающих повышенную нестабильность кариотипа.

Таким образом, цитогенетический анализ кариотипа свиней нового заводского типа в крупной белой породе «Заднепровский» подтвердил их хромосомную и генетическую стабильность и возможность использования хряков мясо-откормочного типа в промышленном и племенном свиноводстве для получения жизнеспособного молодняка. Это позволит выявлять и профилактировать заболевания хряков и маток, а также их потомства, достигая их высокой продуктивности.

В заключение обзора литературных данных по данной теме следует сделать следующие выводы:

1. В связи с тем, что скорость селекционного прогресса при разведении сельскохозяйственных животных в настоящее время не превышает 2 % за поколение с каждым годом, ввиду постоянного роста абсолютной продуктивности, становится все труднее не только увеличить ее, но и хотя бы удержать на достигнутом уровне при использовании методов классической селекции.

2. Результаты исследований в области цитогенетики, биохимической и популяционной генетики показывают надежность использования в оценке генотипа маркерных генов.

3. Разработка и активное внедрение методов маркер-зависимой селекции по количественным и качественным признакам продуктивности животных является крайне актуальным, разрабатываемым и внедряемым в различные животноводческие отрасли сельского хозяйства направлением исследований.

4. Широкое внедрение в селекционную практику методов геномной селекции в комплексе с классическими методами позволит значительно ускорить селекционный прогресс, сократить сроки выращивания, себестоимость и повысить точность оценки племенной ценности животных.

5. При выявлении альтернативных генов-маркеров у свиней на полигенной основе позволит прогнозировать продуктивность и предрасположенность к различным заболеваниям последних, даже на ранних этапах онтогенеза по истинному генетическому потенциалу.

6. Выявление и активное использование в селекционной практике животных с желательными аллеломорфными вариантами по известным генам-маркерам и элиминация нежелательных генотипов позволят повысить, а также удерживать на высоком уровне хозяйственно-полезные качества животных и выявить особей, устойчивых к заболеваниям. Подтверждением этому являются многочисленные научные сообщения отечественных и зарубежных авторов.

Таким образом, назрела необходимость в широком практическом применении генетических методов повышения хозяйственно-полезных качеств, а так же профилактики заболеваний свиней. Данная комплексная система, основанная на применении селекционно-генетических и профилактических приемов отбора животных, генетически устойчивых к заболеваниям, в ассоциации с полиморфными вариантами генов продуктивных качеств позволит создать резервные популяции здоровых и высокопродуктивных животных, адаптированных к условиям свиноводческих хозяйств Республики Беларусь. Это позволит вывести систему племенной работы на более качественный и эффективный уровень и, как результат, обеспечит высокую продуктивность пород, терминальных родительских форм и конкурентоспособность свинины, получаемой от финального гибридного молодняка.

2. НАУЧНЫЕ РАЗРАБОТКИ И ИХ ЭФФЕКТИВНОСТЬ В ОБЛАСТИ ГЕНОМНОЙ СЕЛЕКЦИИ

2.1. Краткая характеристика породного состава свиней, разводимых в Республике Беларусь, эффективность их селекции и использования в системах разведения

Породы – основа системы разведения, необходимы в промышленном свиноводстве в качестве исходных родительских форм, созданных на моно- или полигибридной основе. От того как высоки их генетический потенциал и эффект сочетаемости (гетерозиса) в скрещивании и гибридизации зависит уровень продуктивности откормочного молодняка и в целом экономическая эффективность производства свинины. На рисунке 2.1 представлен породный состав и удельный вес разводимых в стране генотипов свиней. Традиционно, как и во всем мире, доминирует крупная белая порода свиней. В последнее время белорусская популяция свиней крупной белой породы была значительно улучшена и на её основе апробирована и утверждена «Белорусская крупная белая» порода свиней (Патент № 3785 Минсельхоза РФ)[66, 67, 68]. Позже созданы заводские стада свиней породы йоркшир и апробирован заводской тип «Днепробугский».



Рисунок 2.1 – Породный состав свиней в Республике Беларусь

2.1.1. Белорусская крупная белая порода

Белорусская крупная белая является основной плановой породой, относящейся к материнской форме в различных системах разведения. До 1963 года генеалогическая структура породы в племях республики была еще несовершенной, а продуктивность животных – низкой с преобладанием свиней сального и мясосального типов. В 1963-1965 гг. ученые Белорусского НИИ животноводства совместно с селекционерами племях и племях начали работу по упорядочению зональной структуры породы и созданию однородного массива высокопродуктивных свиней, отличающихся повышенной мясностью и хорошими откормочными качествами. Работа была завершена созданием внутрипородного типа БКБ-1, утвержденного в 1975 году. Животные этого типа характеризовались универсальным направлением продуктивности, т. е. наряду с высокими репродуктивными качествами отличались хорошими мясо-откормочными. Они имели крепкую конституцию, глубокое умеренной длины туловище, окорок средней величины. Ноги средней длины, крепкие, правильно поставленные, голова легкая с прямостоячими ушами. Масса взрослых хряков – 300-350 кг, свиноматок – 220-250 кг, длина туловища – 175-185 и 155-165 см. Для дальнейшего совершенствования зональной структуры породы, ускорения селекционного процесса и более эффективного использования явления гетерозиса было решено дифференцировать внутрипородный тип БКБ-1 на два заводских типа: «Минский» и «Витебский». Заводской тип «Минский» специализирован на высокие репродуктивные качества: многоплодие – 12 и более поросят, молочность – 56 кг, масса гнезда поросят при отъеме в возрасте 2 месяцев – 200 кг.

Заводской тип «Витебский» создан с преимущественной селекцией по откормочным качествам: среднесуточный прирост – не менее 750 г, затраты корма на 1 кг прироста – не более 3,4 корм. ед. с пониженным содержанием сала в тушах (толщина шпика – не более 27 мм) при сохранении на высоком уровне многоплодия маток.

Животные этих типов характеризовались крепкой конституцией, высокой естественной резистентностью организма, приспособленностью к региональным условиям разведения, стрессустойчивостью и высокими адаптационными качествами при промышленном производстве свинины.

В 2007 г. создан заводской тип «Заднепровский» численностью 56 хрячков и 516 свиноматок с продуктивностью: многоплодие – 11,8 поросят, молочность – 55,5 кг, масса гнезда при отъеме в 35 дней – 87,7 кг, молодняк которого достигает возраста живой массы 100 кг за 187

дней при среднесуточном приросте – 738 г и затратам корма – 3,6 корм. ед., толщине шпика – 26,8 мм и массе окорока – 10,9 кг.

В результате выполнения ГНТП программы импортозамещения в 2006 году завершена работа по созданию Белорусской крупной белой породы свиней (БКБП). Новое селекционное достижение утверждено Государственной комиссией по апробации, а в 2007 году на неё получен Патент № 3785 (рисунок 2.2) и Авторское свидетельство № 47510, Российской Федерации [66, 67, 68].

Животные характеризуются крепким типом конституции и высокой резистентностью молодняка. Порода соответствует лучшим мировым стандартам по воспроизводительным качествам (таблица 2.1, рисунки 2.3-2.6).

Таблица.2.1 – Динамика продуктивности свиней крупной белой породы в Республике Беларусь.

Наименование показателей	Годы			
	1994	2003	2005	2010
Многоплодие, голов	11,30	11,87	11,90	11,90
Возраст достижения живой массы 100 кг, дн.	185	185	183	180
Среднесуточный прирост, г	740	750	750	780
Расход корма на 1 кг прироста, к.ед.	3,7	3,5	3,4	3,3
Толщина шпика над 6-7 грудными позвонками, мм	27,7	27,0	26,0	25,0
Масса задней трети полутуши, кг	10,5	10,9	11,0	11,1

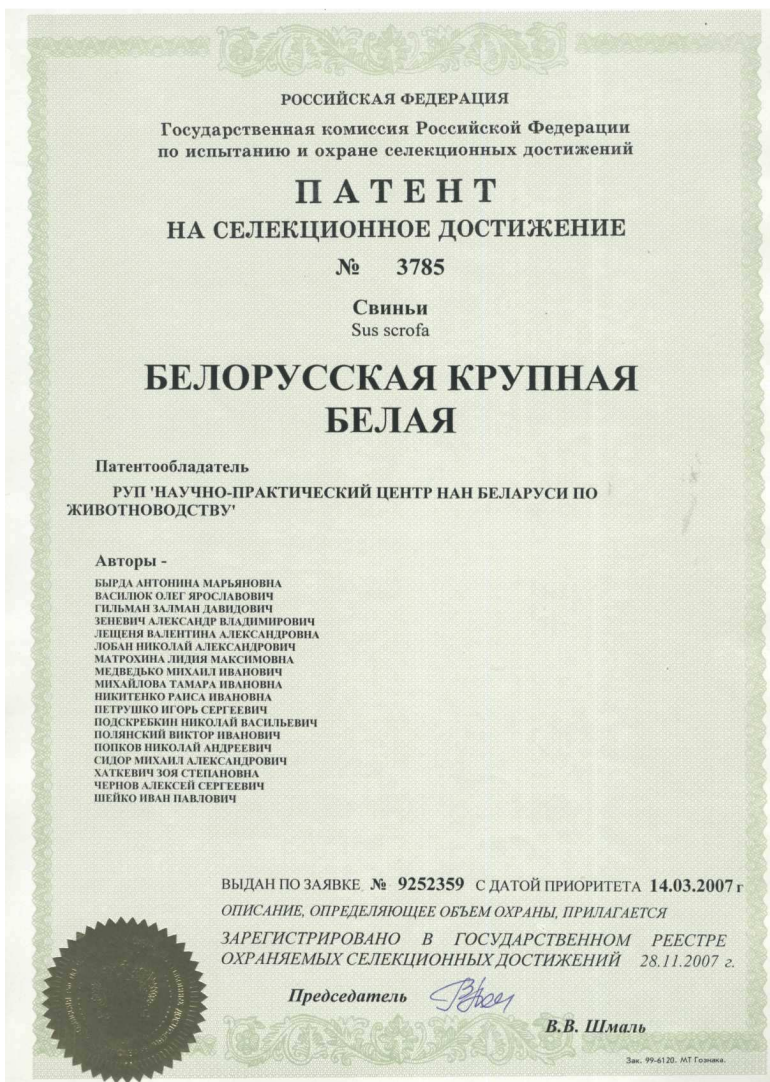


Рисунок 2.2 – Международный патент на селекционное достижение – БКБ порода свиней.

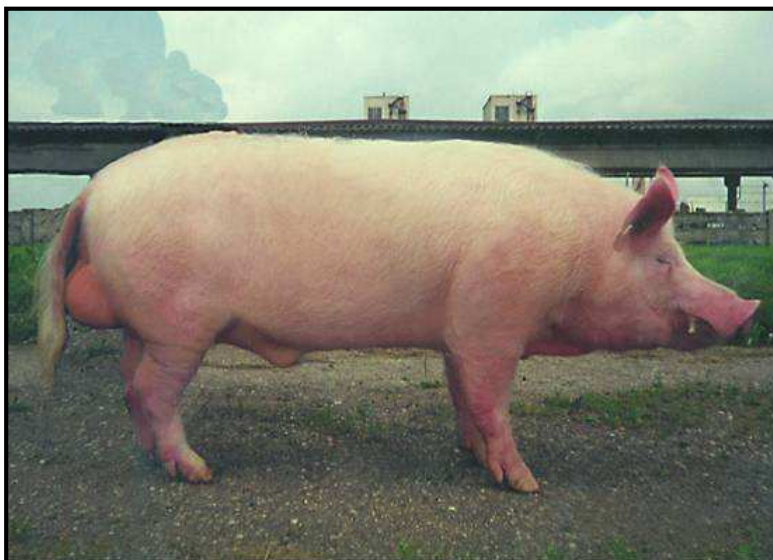


Рисунок 2.3 – Хряк крупной белой породы.

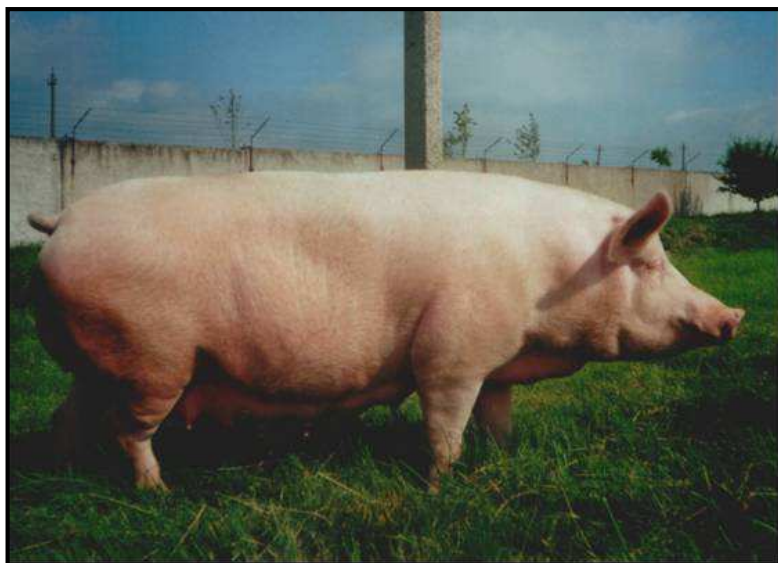


Рисунок 2.4 – Свиноматка крупной белой породы

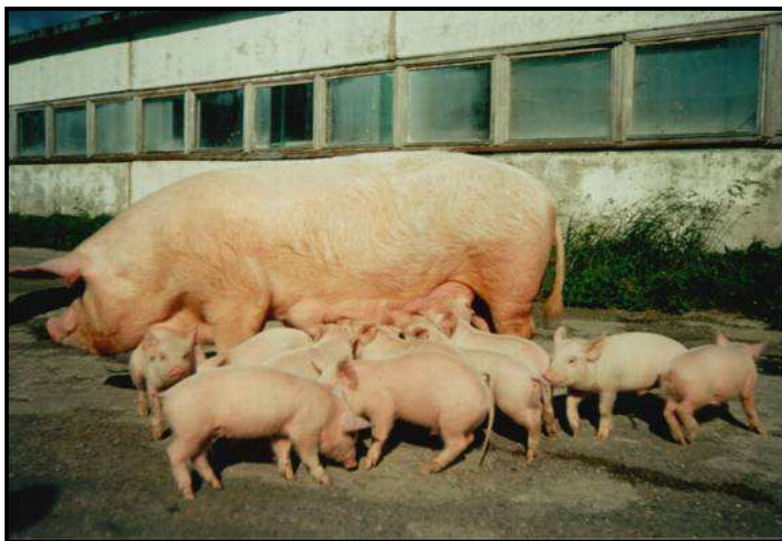


Рисунок 2.5 – Свиноматка крупной белой породы с поросятами



Рисунок 2.6 – Ремонтные свинки крупной белой породы в возрасте 5-5,5 мес.

2.1.2. Белорусская черно-пестрая порода

До 1965 года совершенствование популяции черно-пестрых свиней проводилось с целью выведения нового скороспелого сального типа, хорошо приспособленного к условиям кормления и содержания во всех областях республики. Позже, в связи с улучшением благосостояния населения, появилась потребность в мясной свинине. Поэтому с 1965 г. учеными БелНИИЖ началась селекция по улучшению мясных качеств белорусских черно-пестрых свиней и выведению на их основе новой породы, предназначенной для промышленного скрещивания с животными крупной белой породы в хозяйствах республики. В 1976 г. порода была утверждена под названием «Белорусская черно-пестрая».

Порода выведена методом сложного воспроизводительного скрещивания. Определенную роль сыграло и «прилитие» крови дикого кабана, способствовавшее созданию у черно-пестрых свиней большой выносливости, нетребовательности к кормам, условиям содержания, устойчивости к заболеваниям, обладающих высокими мясосальными качествами. В скрещивании использовали местных маток, которых покрывали хряками крупной белой, крупной черной и беркширской пород. Помесей в 4 поколении с 1/4 кровности по породам разводили в себе. В дальнейшем для улучшения мясных качеств однократно «прилили кровь» пород ландрас и эстонской беконной. Тип телосложения животных – универсальный, конституция крепкая, масть черно-пестрая. Туловище глубокое, спина и поясница прямые и широкие, ноги крепкие, голова небольшая со слегка нависающими ушами (рисунки 2.7-2.8). Живая масса взрослых хряков – 300-340 кг, маток – 220-250 кг, длина туловища – 170-180 и 155-160 см. Многоплодие в среднем составляет 10,0-10,5 поросят (таблица 2.2).

Таблица 2.2 – Динамика численности и продуктивности свиней белорусской черно-пестрой породы в Республике Беларусь

Наименование показателей	Годы			
	1994	2003	2005	2010
Многоплодие, голов	10,5	10,8	10,8	10,9
Возраст достижения живой массы 100 кг, дн.	187	186	185	183
Среднесуточный прирост, г	719	749	750	760
Расход корма на 1 кг прироста, к.ед.	3,69	3,54	3,5	3,4-3,5
Толщина шпика, мм	29	28	28	28
Масса задней трети полутуши, кг	10,4	10,8	10,8	10,9



Рисунок 2.7 – Хряк белорусской черно-пестрой породы

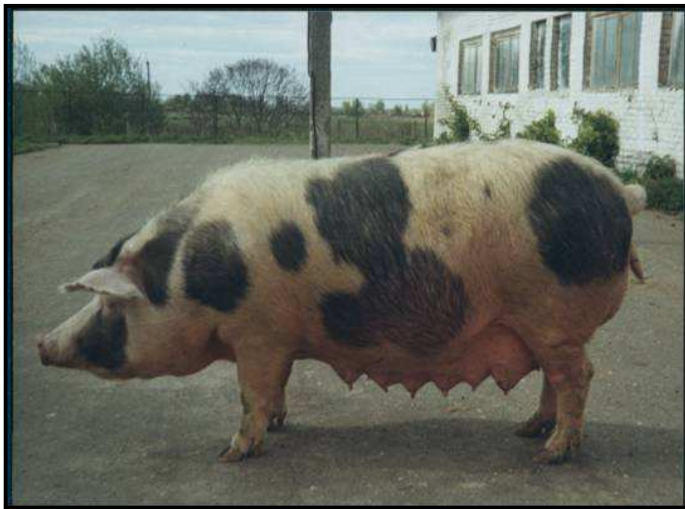


Рисунок 2.8 – Свиноматка белорусской черно-пестрой породы

В последние годы с целью повышения мясности и длины туши проводится «прилитие крови» пород ландрас и дюрок. Получены черно-пестрые животные с кровностью 1/2, 1/4 и 1/8 пород дюрок и финский ландрас, предварительная оценка которых показала перспективность данного направления. Ведущий племзавод по породе – «Ленино» Могилевской области.

2.1.3. Белорусская мясная порода

Белорусская мясная порода была выведена методом сложного воспроизводительного скрещивания белорусского и полтавского мясных типов с использованием маток крупной белой породы и мирового генфонда пород: шведский ландрас, йоркшир, уэссекс-сэдлбекской, пьетрен, эстонской беконной. Основная цель, поставленная при выведении породы, – создание популяции свиней, обладающих высокими показателями откормочной и мясной продуктивности и пригодных к использованию в системе скрещивания и гибридизации. Работа по созданию белорусской мясной породы выполнялась в три этапа. На первом этапе (1971-1980 гг.) учеными-селекционерами БелНИИЖ были выведены три специализированные линии: первая – на основе БКБ-1 при селекции на энергию роста; пятая – на основе крупной белой и эстонской беконной пород, ландрас и шведского йоркшира; шестая – с использованием тех же пород, кроме шведского йоркшира. В пятой линии крупная белая порода и шведский йоркшир составили по 37,5 %, эстонская беконная и ландрас – по 12,5%. В шестой линии на долю крупной белой породы приходилось 50 %, эстонской беконной. В результате государственной апробации в базовых хозяйствах, занимающихся разведением животных этой породы, насчитывалось 2100 свиноматок и 188 хряков-производителей (патент на селекционное достижение № 0283, свидетельство № 31306 Российской Федерации).

Параметры продуктивности:

- многоплодие – 10,7-11,0 поросят
- энергия роста – 785-831 г
- затраты корма – 3,26-3,33 к.ед.
- толщина шпика – 24,0 мм
- площадь «мышечного глазка» - 36,5 см²
- выход мяса – 62-64 %

Созданный массив взрослых хряков и маток представлен крупными развитыми животными, которые соответствуют модели животных мясного направления продуктивности. У них крепкая конституция,

широкое и глубокое удлиненное туловище. Цвет кожи и щетины белый. Голова облегченная, с прямым профилем. Спина ровная и широкая с хорошо развитым окороком (рисунки 2.9-2.10).

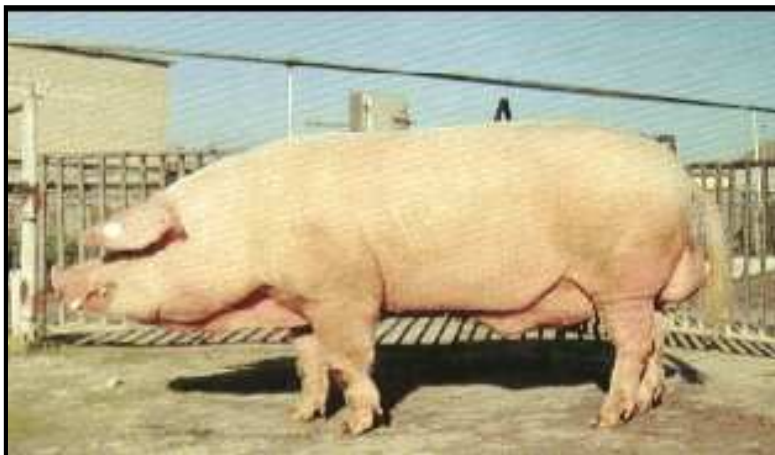


Рисунок 2.9 – Хряк белорусской мясной породы

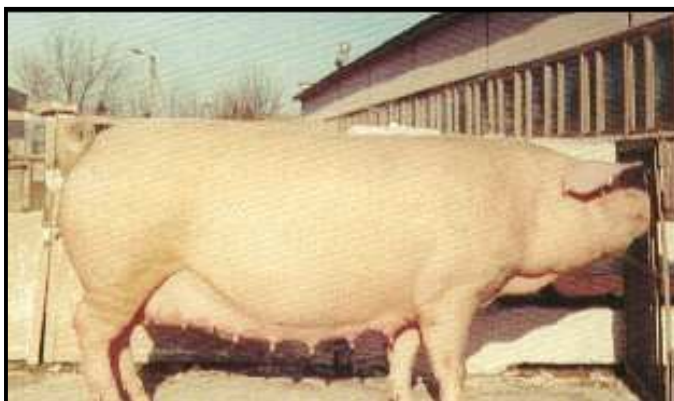


Рисунок 2.10 – Свиноматка белорусской мясной породы

Разведением и совершенствованием породы занимаются три селекционно-гибридных центра: «Заднепровский» Витебской области, «Белая Русь» Минской и «Западный» Брестской областей, экспериментальных баз «Заречье» и «Будагово» Смолевичского р-на Минской области.

2.1.4. Дюрок

Официально порода была зарегистрирована в 1883 году. Вначале она имела сальное направление продуктивности. Позднее, за счет внутривидовой селекции и незначительного «прилития крови» свиной породы темворс, свиноводы США создана современная мясная порода.

Мать свиной красная, с оттенками от светло-красного до коричневого. Взрослые животные крупные, высокие, с аркообразной спиной, окорока длинные, хорошо выполненные, костяк крепкий, голова небольшая с коротким лычом. Темперамент животных спокойный. Для свиной этой породы характерны высокая скороспелость и отличные мясные качества, устойчивость к стрессовому синдрому.

Большой интерес для использования представляет эта порода в Республике Беларусь и в странах СНГ. В бывший СССР ее завезли в 1975-1976 гг. Завоз свиной осуществлялся для создания собственной племенной базы и использования их в системах гибридизации. Последующие работы с породой свидетельствуют о высокой эффективности её использования в различных системах промышленного скрещивания и гибридизации. Эта порода, как и белорусская чёрно-пёстрая, имеет очень высокую резистентность и сохранность поросят и больше, чем ландрас, подходит к условиям товарных хозяйств.

В Республике Беларусь наибольшее поголовье хряков и маток породы сосредоточено на СГЦ «Заднепровский» Витебской, «Западный» Брестской областей. Создаются стада в СГЦ «Василишки» и колхозе «Озеры» Гродненской области. Генеалогическую структуру породы составляют 8 линий и 17 семейств.

2.1.5. Ландрас

Порода выведена в Дании на основе скрещивания местных свиной с английскими породами (в основном крупной белой) с преимущественной селекцией на мясные качества. Первоначально свиноводы Дании разводили и поставляли на германский рынок тяжелых сальных свиной. Однако к концу XIX века рынок потребовал беконной свиной. Свиноводы нашли выход в импорте хряков крупной белой породы и скрещивании с ними местных маток, отбирая на племя белых метисов с уклоном в сторону беконного типа. Порода быстро совершенствовалась по воспроизводительным и мясным качествам. В Дании впервые были созданы селекционные контрольные станции, где оценивались хряки по качеству потомства.

Современный тип ландраса распространен во многих странах мира, особенно в Германии, Бельгии, Голландии. Это типично беконные свиньи среднего и крупного размеров, с сильно растянутым, узким, но глубоким туловищем, широким и плоским окороком. К отрицательным свойствам можно отнести стрессчувствительность, слабость конституции, плохую акклиматизацию. Живая масса хряков – 300-320 кг, свиноматок – 200-220 кг, длина туловища равна 180-185 и 165-170 см, многоплодие составляет 10,5-11,0 поросят.

Порода широко применяется в скрещиваниях и гибридизации в качестве отцовской формы. В республике животные породы ландрас разводятся на племенной ферме колхоза «Красный Октябрь» и СГЦ «Василишки» Гродненской области.

2.1.6. Эффективность использования пород в системе разведения

Как показывает сравнительный анализ продуктивности маток ведущей группы (30-35 % от поголовья основных свиноматок), лидирующее положение по всем параметрам занимает КБ порода (таблица 2.3). Эта порода имеет так же и лучшие характеристики по воспроизводительным качествам, фертильности или продуктивности хряков и их оплодотворяющей способности. Крупная белая и белорусская черно-пестрая породы имеют более крепкую конституцию, более высокую адаптацию к условиям среды, поэтому они используются во всех схемах получения товарного молодняка в качестве материнской формы.

Таблица 2.3 – Сравнительный анализ продуктивных качеств плановых пород свиней в Республике Беларусь

Продуктивные качества	Породы					В средн.
	КБ	БЧ	БМ	Д	Л	
1	2	3	4	5	6	7
Репродуктивные качества свиноматок						
Число голов	1900	500	230 0	140	60	4900
Многоплодие по основным маткам, гол.	11,8	10,8	10,9	9,7	10,2	10,7
Молочность, кг	51,9	52,0	51,0	44,4	48,0	49,5
Количество поросят при отъёме, гол.	10,5	9,4	9,6	8,7	8,8	9,4

Продолжение таблицы 2.3

1	2	3	4	5	6	7
Масса гнезда при отъеме в 2 мес., кг	173,0	168,0	187,0	70*	76,0	169,3
Сохранность, %	89,0	87,3	86,0	89,7	86,0	87,7
Откормочные и мясные качества (в ср. за 1995 -2000 гг.)						
Число голов молодняка, гол.	3699	1597	544	60	50	5950
Возраст достижения массы 100 кг, дн.	188	189	192	191	191	190,2
Среднесуточный прирост, г	703	688	690	696	675	690,4
Расход корма на 1 кг прироста, корм. ед.	3,7	3,75	3,8	3,6	3,7	3,71
Длина туши, см	95,7	95	96,4	97,3	101,3	97,1
Толщина шпика, мм	27,5	29,7	26,2	22,9	24,7	26,2
Масса окорока, кг	10,7	10,5	11,0	11,3	11,3	11,0
Площадь «мышечного глазка», см ²	28,5	27,7	30,6	37,4	35,3	31,9
Содержание мяса в туше, %	59,2	58,4	62,0	65,4	62,4	61,5

Примечание - здесь и далее: КБ - крупная белая порода; БЧ - белорусская чернопестрая; БМ - белорусская мясная; Д - дюрок; Л - ландрас.

** - масса гнезда в 35 дней*

По данным оценки значительного количества молодняка различных пород на Гродненской КИСС, достоверных различий между ними не обнаружено, отмечается лишь некоторое улучшение мясных качеств у молодняка мясных пород. Более высокая энергия роста при низких затратах кормов животных крупной белой породы указывает на их генетическую консолидацию по этим признакам и адаптации их организма к условиям станции.

В Республике Беларусь, начиная с 60-х годов прошлого столетия, сложилась оптимальная организационная структура племенной работы, по «принципу пирамиды» (рисунок 2.11). Углубленная селекционно-племенная работа по линиям ведется на племзаводах и «нуклеусах» СГЦ первой ступени разведения, и вектор передачи селекционного материала направлен вертикально вниз посредством племпродажи хрячков и свинок дочерним хозяйствам. На современном этапе ускоряют передачу лучших мировых достижений в селекции станции искусственного осеменения, на которых получают, оценивают и на коммерче-

ской основе реализуют сперму на СИО потребителей.

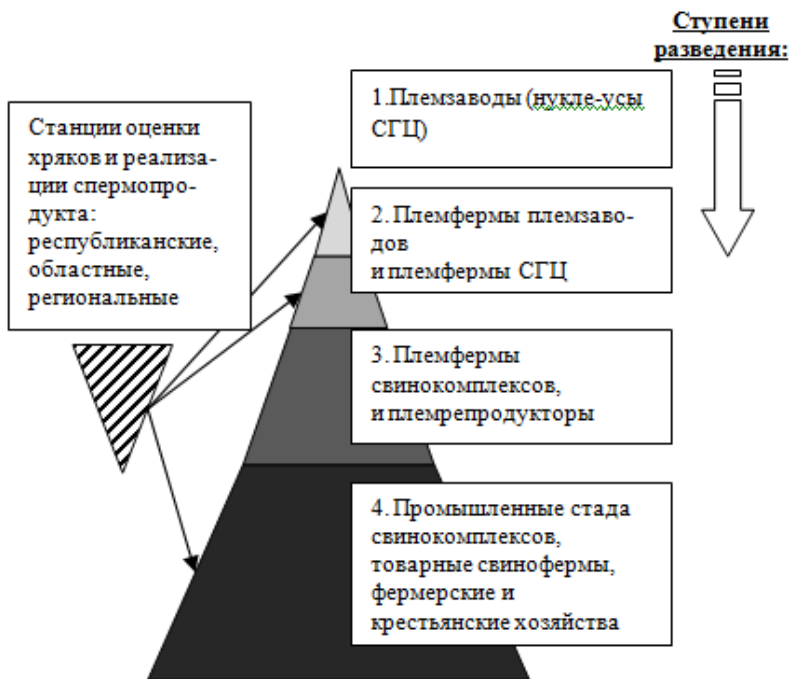


Рисунок 2.11 – Организационно-структурная система разведения свиней КБ породы по «принципу пирамиды».

Основой программ гибридизации в свиноводстве и выращивания высокопродуктивного товарного молодняка является выведение пород и их скрещивание (рисунок 2.12). В данной схеме приведен наиболее эффективный вариант получения товарного гибрида, позволяющий получить прибыль на 1 свиноматку (КБ × БМ) 290 у. е. в год. Этот процесс требует генетического контроля при подборе пород с целью получения животных с необходимым генотипом и уровнем продуктивности.

Использование современной организационной структуры воспроизводства и современных биотехнологических приемов (метод внутриматочного осеменения и технология получения и длительного хранения спермы) позволяет значительно увеличить эффективность использования хряков (получение до 5-10 тыс. сперматозоидов от хряка в год).

В этой связи на первый план выступает оценка генетического статуса племенных животных: наличие у них структурных хромосомных нарушений, генных aberrаций, мутаций генов, влияющих на проявление хозяйственно-полезных признаков.

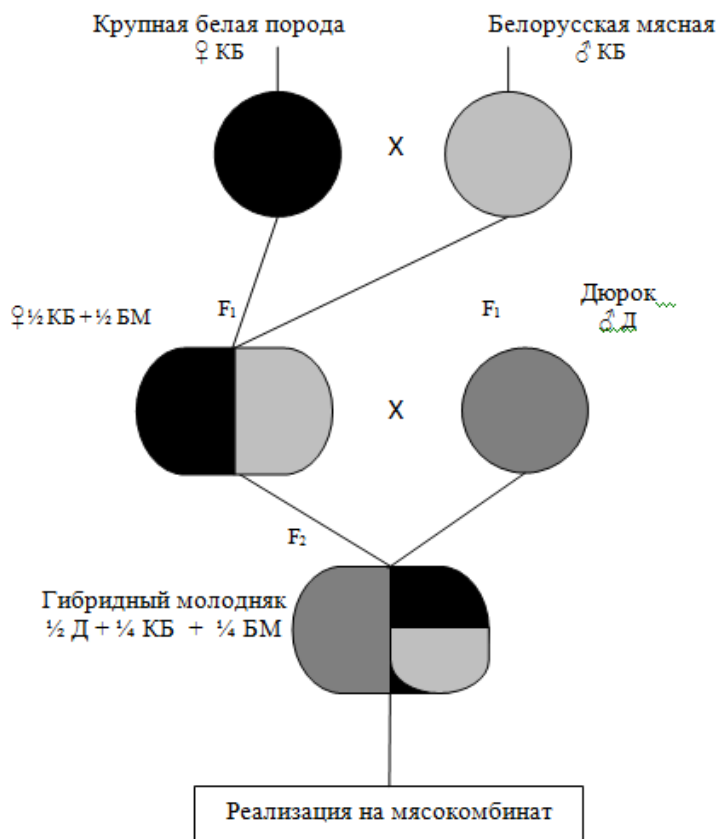


Рисунок 2.12 – Схема получения трехпородного гибридного молодняка

Как показывает многолетняя селекционная практика, очень сложно в данных технологических условиях достичь селекционного сдвига продуктивности свиней, особенно материнских качеств, которые имеют низкие коэффициенты наследования, отрицательно коррелируют с мясными качествами (рисунок 2.13).

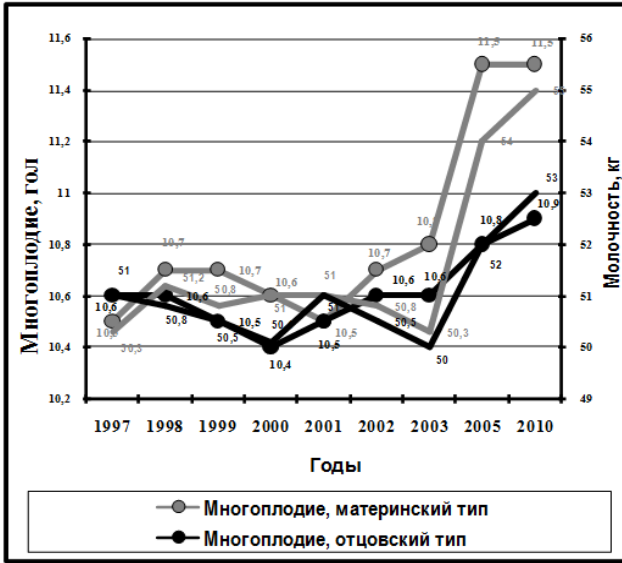


Рисунок 2.13 – Продуктивность свиней крупной белой породы

Особенность селекции белорусской популяции племенных свиней крупной белой породы заключается в том, что она дифференцирована на материнскую и отцовские формы с преобладанием однофакторного отбора по репродуктивным и мясным качествам. По мнению ряда ученых-свиноводов [36, с. 52-61; 58, с. 52-61], это позволяет создавать специализированные популяции в породе с высоким уровнем профильной продуктивности, консолидированным генотипом и выровненным фенотипом. Эти генотипы отсеlectionированы на высокую гетерозисную сочетаемость при их внутривидовом скрещивании, межпородном скрещивании и породно-линейной гибридизации.

Использование нами этих принципов позволило достичь некоторых успехов в селекции мясо-откормочных качеств (рисунок 2.14). По энергии роста за 8 поколений (в период 1990-2004 гг.) эффект селекции составил 135 г., или 17 г. за поколение. Соответственно, снизились затраты кормов на 0,42 корм. ед., или 11 %. По продуктивности свиноматок, их многоплодию и молочности в селекционных стадах практически отсутствовал эффект селекции и работа проводилась в основном на поддержание уровня, стабилизации численности, сохранение генеалогических структур их генетического разнообразия и консолидации.

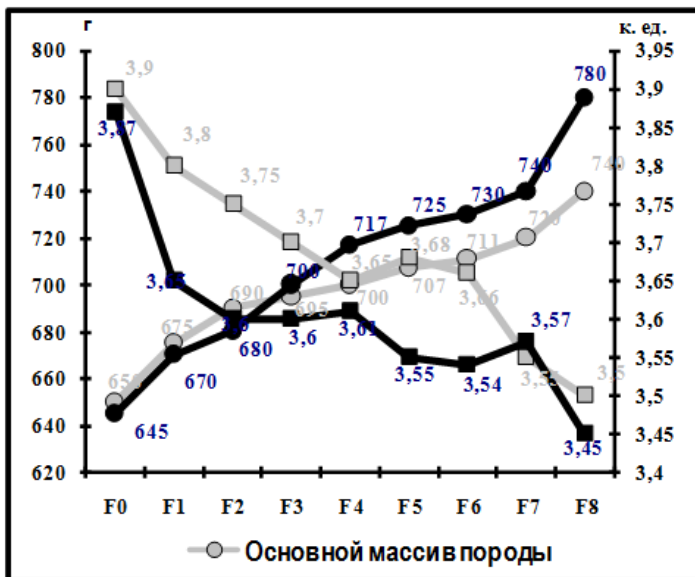


Рисунок 2.14 – Динамика энергии роста и затрат корма

Эффективная селекционная работа с линиями, генотипами свиней в племенных хозяйствах проводится методами классической селекции, при которых наблюдается значительное отрицательное влияние средовых факторов. Генетический потенциал животных из-за неблагоприятного влияния условий кормления и содержания реализуется лишь на 60-70 %. Отмечается снижение эффекта селекции в популяциях во временном аспекте и в поколениях. По данным наших исследований и сообщений Дунина И.М. [41, с. 44-46; 42, с. 12-14; 36], наблюдается тесная взаимосвязь между уровнями генетического потенциала и условиями среды при практической реализации возможностей генотипа (рисунок 2.15).

Превышение условий среды над генетическим потенциалом (движение вектора в область повышения) позволяет получать прогресс в селекции.

При ухудшении условий среды, дрейф вектора вправо от $W = const$ с 1 по 3 зоны наблюдается регресс признаков, однако возможно сохранение генетического постоянства до 3-5 поколений.

Дальнейшее снижение от 3 к 5 зоне или к 10-30 % соответствия приводит к полной генетической деградации популяции, резкому снижению ее численности и ликвидации.

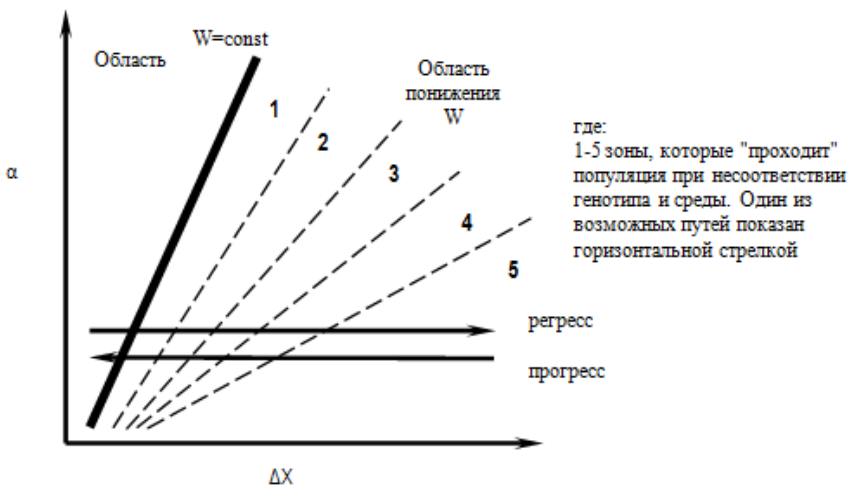


Рисунок 2.15 – Зависимость селекционного эффекта (ΔX) от условий среды (α)

Большинство улучшаемых (селекционируемых) признаков носит количественный характер и определяется полигенно, в зависимости от совпадения направления векторов отбора и улучшения (ухудшения) средовых факторов, то есть прогресс в селекции зависит от совпадения векторов отбора и технологических условий. При несовпадении (разновекторности) процессов наблюдается замедление и регресс продуктивности заводских популяций и в целом пород. Для нивелирования этой отрицательной зависимости и прямого воздействия на консолидацию и улучшение генотипа животных необходимо использовать методы ген- и маркер-зависимой селекции. В данном случае селекция ведется комбинированным методом: по генотипу и фенотипу, при этом отмечается снижение отрицательного влияния средовых факторов. В своей работе селекционер уверен в том, что отобранные на воспроизводство животные имеют желательный набор генов и аллелей. Это позволит создавать резервные популяции, ускоренно их размножать и значительно быстрее повышать эффект селекции по признакам развития и продуктивности, чем при классических методах селекции.

Анализируя вышеизложенный материал, можно сделать вывод о необходимости использования методов ДНК-технологии в практической селекции, что позволит в 2-3 раза повысить ее эффективность.

2.2. Использование кариотипирования

Стабильность хромосомного набора является одним из основных условий нормальной жизнедеятельности организма. У свиней различные нарушения в кариотипе влияют, в первую очередь, на репродуктивную функцию, что проявляется в снижении многоплодия животных. В связи с этим в странах с развитым животноводством существуют программы генетического мониторинга, включающие в качестве обязательного элемента цитогенетические исследования. В Республике Беларусь оценка кариотипа свиней проведена впервые.

По мнению Кленовицкого М. П. [66; 68, с. 53-55], хромосомные aberrации можно разделить на две группы: конституциональные – присущие всем клеткам, унаследованные от родителей или возникшие в процессе созревания гамет, и соматические – возникающие в отдельных клетках в ходе онтогенеза. У домашних свиней конституциональные аномалии представлены в основном реципрокными транслокациями (взаимными обменами фрагментов хромосом), значительно реже встречаются Робертсоновские транслокации (слияния акроцентрических хромосом) и инверсии. Робертсоновские транслокации связаны с изменением числа двухплечих хромосом и у большинства видов могут быть выявлены на основании визуального анализа и подсчета числа хромосом. Идентификация других типов конституциональных аномалий возможна только на основании кариотипирования. Соматические aberrации выявляют путем микрофотографирования метафазных пластинок. В ряде случаев целесообразно выборочное кариотипирование.

Известно, что породы свиней характеризуются разной частотой распространения хромосомных аномалий. С этой целью было проведено выборочное цитогенетическое обследование хряков селекционно-гибридного центра «Заднепровский». Исследования проводили в рамках совместной работы между БелНИИЖ и отделом биотехнологии ВИЖ. Анализ хромосом проводили в клетках 72-часовой культуры лимфоцитов периферической крови по методике Кленовицкого П.М. (1997) [66]. Кровь для анализа брали в стерильные шприцы с гепарином из глазного синуса. В качестве агента, стимулирующего деление лимфоцитов, использовали фитогемагглютинин (ФГА) производства фирмы ПанЭко (Россия) в дозе 20 мкг/мл. Культивирование лимфоцитов и приготовление препаратов хромосом осуществляли по стандартным прописям.

Анализ препаратов проводили на микроскопе Nikonmicrophot-FX с использованием цифровой видеокамеры KC-583C и программ «ImageScope 1» (фирма CMA, Россия) и AdobePhotoshop 5.5. Програм-

му «ImageScope 1» использовали для видеозаписи изображения препаратов хромосом и их измерения. Подсчет хромосом, кариотипирование и анализ aberrаций проводили с использованием программы AdobePhotoshop 5.5. При анализе соматических aberrаций от каждого животного исследовали не менее 20 вариантов развития лейкоцитов в стадии метафаз. Видеозапись препаратов проводили под масляной иммерсией при увеличении 100^x. Всего было обследовано 14 хряков. В результате исследования установлено, что все животные имели нормальный кариотип, соответствующий видовой норме. Диплоидное число хромосом у них было равно 38. Хромосомный набор содержал 12 пар двухплечих хромосом и 6 пар акроцентриков без каких-либо конституциональных нарушений. Состав половых хромосом у всех хряков соответствовал биологическому полу.

В качестве примера приводится кариотип лимфоцита в стадии метафазного деления по хряку Секрета 222019 (рисунок 2.16). Ниже приводится рисунок компьютерной идентификации и ранжирования по всему хромосомному аппарату этого хряка. Как видно из приведенного материала, количественный, видовой и структурный состав кариотипа соответствует норме, без изменений.

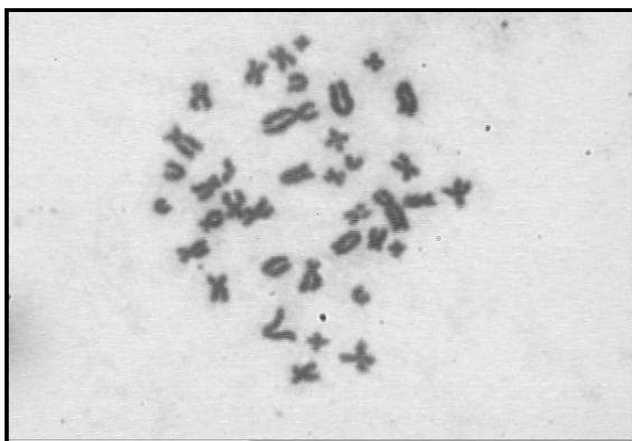


Рисунок 2.16 – Кариотип лейкоцит хряка Секрета 222019 в метафазной стадии развития

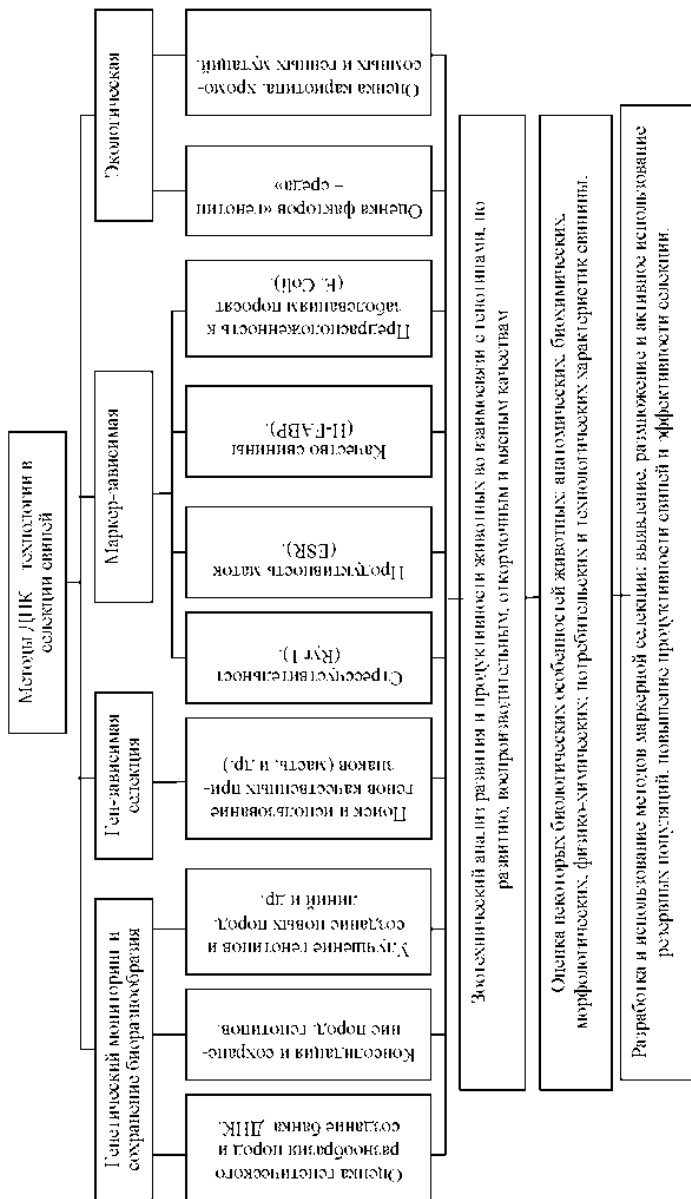


Рисунок 2.17 – Схема исследований.

Уровень спонтанных нарушений хромосом по выборочной оценке в среднем составил 7,5 %. В качестве примера укажем, что при выборочной оценке помесей ландрас × крупная белая в экспериментальном хозяйстве ВИЖа этот показатель был равен 3,12 %, а у хряков породы ландрас из ГПЗ им. Цветкова наблюдался повышенный уровень – 12,3%.

Схема исследований представлена на рисунке 2.17.

Таким образом, можно считать, что спонтанная изменчивость хромосом у хряков в СГЦ «Заднепровский» находится в пределах генетико-биологической нормы (10 %). Справедливость этого утверждения подтверждается и тем, что у всех обследованных хряков спонтанные aberrации хромосом были представлены единичными генами и разрывами, что характерно для естественного уровня изменчивости хромосом. Ни в одной из клеток не было обнаружено транслокаций и дигцентрических хромосом, являющихся индикаторами действия эндогенных или экзогенных факторов, вызывающих повышенную нестабильность кариотипа. Таким образом, цитогенетический анализ кариотипа свиней нового заводского типа в крупной белой породе «Заднепровский» подтвердил их хромосомную и генетическую стабильность и возможность использования хряков нового типа в промышленном и племенном свиноводстве для получения жизнеспособного молодняка.

Данное заключение подтверждается большим количеством исследований – 20-30 метафаз по каждому из 14 тестированных хряков. На рисунке 2.18 приводится ранжированный вид хромосом данного хряка без видимых структурных нарушений.

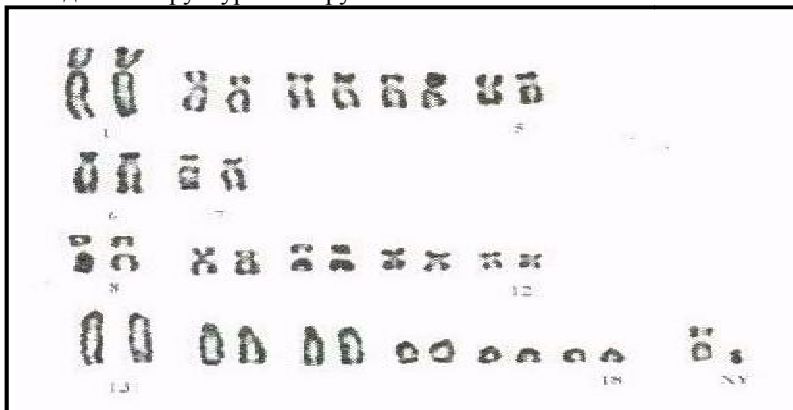


Рисунок 2.18 – Ранжированный кариотип хряка Секрета 222019 крупной белой породы

2.3. Генные маркеры в селекции свиней

Термин сигнал (английский его синоним «маркер» вошел в научный обиход гораздо позднее) ввел в двадцатые годы выдающийся русский генетик А.С. Серебровский. Под этим термином он понимал аллеломорфный ген (дискретный признак), сцепленный с группой аллелей, определяющих проявление интересующего исследователя признака, как правило, полигенного, и тем самым выступающий в качестве своеобразной метки, позволяющей проследить наследование данной группы аллелей. В более широком смысле маркер – это любая наследуемая модификация структурных генов (аллелей), анонимных нуклеотидных последовательностей или их материальных носителей – хромосом, с которыми сцеплена группа «аллелей интереса».

Марзанов Н.С. [90] сообщает, что сигнал должен метить группы аллелей, генетическое расстояние между которыми менее 50 сМ (сантиморган). Таким образом, минимальное число маркеров должно соответствовать диплоидному числу хромосом. Вопрос о максимальном их числе остается дискуссионным. Очевидно только одно: чем больше маркеров локализовано на хромосоме, тем эффективнее их использование.

В простейшем случае в качестве маркера можно рассматривать признак, «замкнутый сам на себя», к таковым относятся генные мутации, приводящие к возникновению наследственной патологии. Собственно говоря, маркером может служить любой аллель любого гена, имеющего дискретное проявление (масть, комолость и т. п.).

У свиней сцеплены локусы H- и C- групп крови. Кроме того, J- локус сцеплен с генами SLA (главного комплекса гистосовместимости). Частота кроссинговера между локусами J- и SLA- составляет 9,8 сМ. Расстояние между локусом F-системы групп крови и геном эпистатической белой масти у свиней равно 16,7 сМ.

Все известные системы групп крови у сельскохозяйственных животных локализованы на аутосомах. Так, H-система у свиней, тесно связанная с геном чувствительности к синдрому злокачественной гипертермии (MHS), локализована на 6 хромосоме, здесь же находится и S-система. Ген F-системы у свиней локализован на 17 хромосоме, а B- и J-систем – на 7 хромосоме.

С развитием иммуногенетических методов был обнаружен ряд новых систем крови у человека и животных. В настоящее время известно 12 систем групп крови у рогатого скота, 17 у свиней, 8 у овец, 9 у лошадей и 14 у птиц. Таким образом, число известных систем групп крови оказалось меньше числа хромосом. И хотя эти генетические струк-

туры позволяют маркировать часть хромосом, но значительная часть генома остается немеченой. Напрашивалось естественное решение – использовать в качестве маркеров структурные гены, не связанные с иммунной системой.

В настоящее время оформилось два направления, основанные на использовании методов молекулярной генетики в селекции: выявление полиморфизма структурных генов (маркеры первого типа), связанного с генетическими заболеваниями или продуктивными особенностями животных, и использование полиморфизма анонимных нуклеотидных последовательностей (маркеры второго типа) в маркерной селекции.

Для селекции свиней по мясным качествам представляет интерес изучение полиморфизма по гену гормона роста (GH), генов семейства MYOD, связанных с приростом и качеством мяса, лептина и рецептора лептина (LEP и LEPR) и других. С репродуктивными признаками у свиней связаны гены эстрогенового рецептора (ESR), бета-субъединицы фолликулостимулирующего гормона (FSHB), I и II подсемейств цитохрома H450 (CYP19, CYP21). В свиноводстве представляет также интерес выявление животных, несущих рецепторы к антигенам E.coli. Ряд штаммов кишечной палочки вызывают диарею новорожденных, часто сопровождающуюся высоким отходом поросят.

Ген, аналогичный по фенотипическому проявлению бурула, был выявлен у свиней породы мэйшан. Было показано, что различие в многоплодии у них связано с полиморфизмом по гену эстрогенового рецептора (ESR), матки с генотипом BB превосходят по многоплодию животных, гомозиготных по аллелю AA, в среднем на 0,9-1,5 поросят. Аллель B был также выявлен у коммерческих североамериканских пород свиней, ведущих свое происхождение от крупной белой породы. Полагают, что он был внесен в эту породу с кровью мэйшан. Аллель B с частотой от 0,04 до 0,15 встречается и у российских свиней [406].

Продуктивность сельскохозяйственных животных зависит от фенотипических признаков, которые определяются генетическими факторами наследуемости. При традиционной селекции, основанной на оценке животных по фенотипу, его качественным и количественным признакам, их истинный генетический потенциал может быть занижен или необъективно оценен. На качество оценки оказывают негативное влияние факторы среды, она сложна и продолжительна. Положительное или отрицательное взаимодействие факторов генотип-среда ускользает или замедляет селекционный процесс и определяет его эффективность. В настоящее время в связи с развитием молекулярной генетики появилась возможность идентификации генов, напрямую или косвенно связанных с хозяйственно-полезными признаками (геномный анализ).

В свиноводстве, по нашему мнению, актуальным является первоочередное внедрение в селекцию следующих маркеров: ген эстрогенового рецептора (ESR), влияющий на плодовитость маток, ген рианодинового рецептора (RYR1), определяющий чувствительность к стрессам и ген белка, связывающего жирные кислоты (FABP), влияющий на качество свинины [55, с. 73-74.].

2.4. Генетические аномалии в свиноводстве

С развитием технологии искусственного осеменения существует вероятность распространения за короткое время вредных генетических мутаций или аберраций хромосом в результате тиражирования генотипа производителя. Для своевременного выявления дефектов необходима организация генетического мониторинга аномалий у животных.

Экономические потери в животноводстве в результате нарушений репродуктивной функции у самцов могут быть значительными. Хотя некоторые случаи мужского бесплодия можно объяснить влиянием таких факторов как инфекции, экология, нарушения иммунитета и гормональные дефициты, многие из них вызваны генетическими факторами. Проблемы, связанные с образованием и созреванием сперматозоидов, являются наиболее распространенными причинами мужского бесплодия, приводящими к снижению количеству и морфологическим нарушениям сперматозоидов или уменьшению их подвижности.

Репродуктивные проблемы у хряков породы финский йоркшир были обнаружены в 1987 году, когда был выявлен первый хряк с дефектом неподвижного короткого хвоста сперматозоида (ISTS - Immotile short tail sperm). Этот дефект является причиной бесплодия вследствие неподвижности, укороченности и нарушения всех структур хвоста сперматозоида [156, с. 233-235].

В 2000 году 37 % поголовья свиней породы йоркшир в Финляндии являлись носителями этого дефекта, представляющего значительную экономическую угрозу свиноводству.

На рисунке 2.19 показаны сперматозоиды нормального и дефектного хряков. Хвост сперматозоидов от хряков с дефектом ISTS короткий и имеет проксимальную каплю (стрелка) в районе шейки. Аксонема и другие структуры (митохондриальный матрикс, система микротрубочек, указаны стрелками) хвоста сперматозоидов также неправильно расположены. Сравнение последовательностей транскрипта гена KPL2 нормальных и дефектных хряков показало наличие 10 SNP и отсутствие экзона 30 у хряков с дефектом ISTS. Впоследствии выяснилось, что отсутствие экзона 30 является основной причиной возникновения

дефекта у свиней. Кроме того, кодирующая последовательность экзона 30 присутствует в ДНК дефектных хряков, таким образом выясняется что мутация, вызывающая возникновение дефекта ISTS, находится в интронной части гена. Дальнейшие исследования показали наличие уникальной для свиней-носителей дефекта ISTS большой вставки в начале интрона 30.

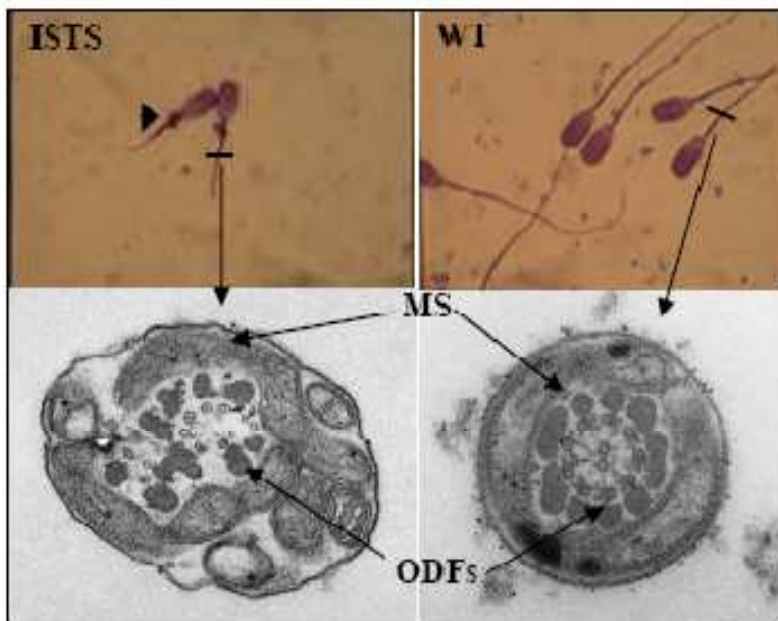


Рисунок 2.19 – Структура сперматозоидов полученных от здоровых и дефектных (ISTS) хряков.

Эта проблема актуальна и для нашей страны, в связи с возросшими проблемами снижения оплодотворяющей способности спермы хряков по причинам повреждения акросомы и морфологических отклонений сперматозоидов в результате генных мутаций. Например, с помощью генетического анализа на Минской областной СНО был выявлен хряк №113784 породы йоркшир подвежской селекции (таблица 3.12) с дефектом ISTS. Его сперма содержала мало сперматозоидов с нарушенным строением, малой подвижностью и была непригодна к осеменению. Опасность данной мутации состоит в том, что даже в гетерозиготной форме она имеет доминантный характер и передается потомст-

ву, поэтому данное животное выбраковано из стада. Следовательно, необходимо тестировать всю активную часть популяции хряков и ремонтного молодняка в раннем возрасте на предмет выявления мутации с целью профилактики бесплодия. В противном случае издержки производства будут значительными. Следует отметить, что БКБ породы устойчива к данной генетической мутации.

2.5. Маркер-зависимая селекция

Использование современных достижений биотехнологии открывает новые возможности в селекции животных. В отличие от традиционной селекции по фенотипу, применение знаний в области молекулярной генетики делает возможным проведение селекции непосредственно на уровне ДНК, то есть по генотипу (рисунок 2.20).

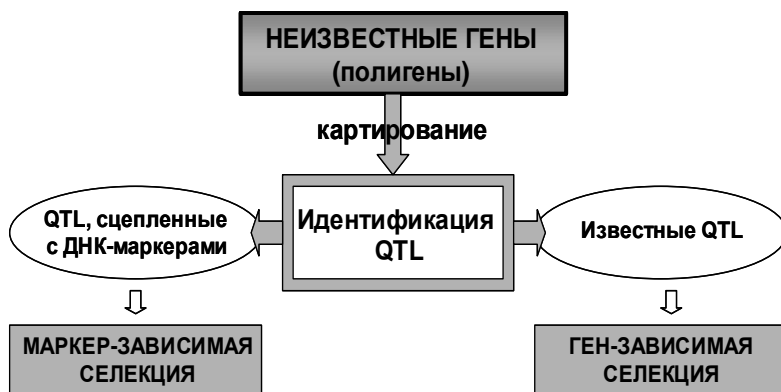


Рисунок 2.20 – Структура исследований по маркер- и ген-зависимой селекции.

Селекция, базирующаяся на наличии или отсутствии у животных генетических маркеров, сцепленных с желательными или нежелательными признаками, получила название *маркерзависимой селекции*. Если селекция ведется на основании полиморфизма главного гена, отвечающего за проявления признака, то такая селекция – *гензависимая селекция* (рисунок 2.21) [50, с. 44-49; 156, с. 222-233]. Наиболее важным направлением данных исследований является микросателлитный анализ, используемый в практике для подтверждения происхождения, а также породной и линейной принадлежности животных (рисунок 2.22).



Рисунок 2.21 – Типы ДНК-маркеров, используемых в животноводстве

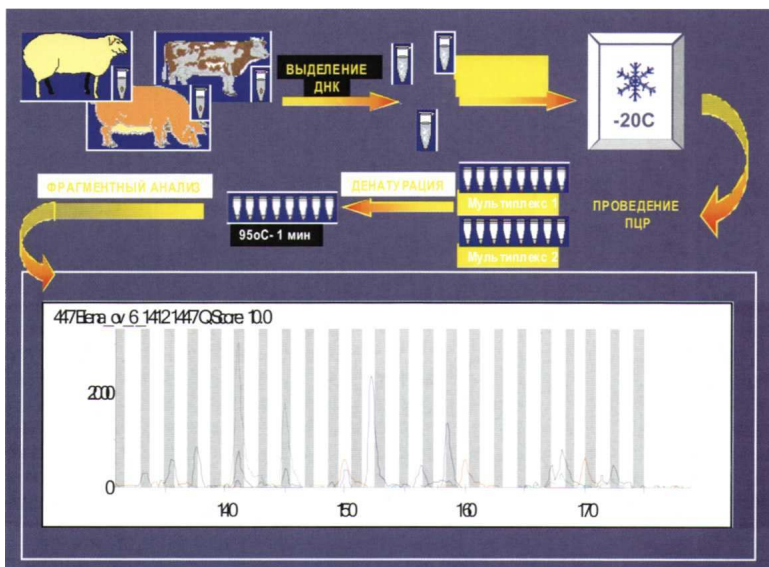


Рисунок 2.22 – Схема анализа ДНК-микросателлитов сельскохозяйственных животных

2.6. ДНК-диагностика в свиноводстве

Анализ и последующее использование маркеров признаков продуктивности представляют большой интерес для селекции свиней. В настоящее время выявлен целый ряд генов-кандидатов и определены их полиморфные варианты, которые могут оказывать прямое или косвенное влияние на развитие признаков продуктивности свиней (таблица 2.4) [50].

Примером использования молекулярной генной диагностики в селекции свиней является анализ полиморфизма гена рианодинового рецептора (RYR1).

Как известно, чувствительность свиней к стрессам является большой проблемой в мясном свиноводстве, так как часто приводит к гибели животных.

Под действием стресса у свиней развивается злокачественный гипертермический синдром (MHS). У чувствительных к стрессу свиней наблюдается чрезвычайно сильное снижение рН на фоне высокой температуры тела (38-40 °С), что приводит к образованию так называемого PSE-мяса («Pale» – бледное, «Soft» – мягкое, «Exudative» – водянистое).

Fujii и др. было установлено [186, с. 448-451], что чувствительность к злокачественной гипертермии у свиней вызывается точковой мутацией Ц→Т в позиции +1843 гена рианодинового рецептора RYR1, приводящей к аминокислотной замене Arg→Cys в позиции 615. Открытие данной мутации позволило разработать молекулярно-генетический тест, позволяющий четко идентифицировать генотипы свиней (NN – стрессоустойчивые не носители, Nn – стрессоустойчивые скрытые носители, nn – стрессочувствительные носители).

Таблица 2.4 Гены-кандидаты признаков продуктивности свиной.

Признак	Фенотип	Ген	Мутация, аллели	Генетический тест	Автор
1	2	3	4	5	6
Качество мяса	различия в содержании внутримышечного жира	белок, связывающий жирные кислоты, сердца (H-FABP)	A, a D, d H, h	ПДРФ	<i>Gerbens et al., 1997</i>
Злокачественный гипертермический синдром	чувствительность к стрессу, нарушенная регуляция освобождения Ca ²⁺ из саркоплазматического ретикулума	рианодиновый рецептор (RyR1)	Ц ¹⁸³ →Т, N, n	ПДР-ПДРФ ПЦР-SSCP	<i>Fujii et al., 1991</i> <i>Breng et al., 1992</i> <i>Nakajima et al., 1996</i>
Плодовитость	размер гнезда	фолликулостимулирующий гормон, β-субъединица (FSHB)		ПДРФ	<i>Zhao et al., 1998</i> <i>Li et al., 1998</i>
	размер гнезда	эстрогеновый рецептор (ESR)	A, B	ПЦР-ПДРФ	<i>Rothschild et al., 1996</i>
	размер гнезда	рецептор пролактина (PRLR)		ПДР-ПДРФ	<i>Vincent et al., 1998</i>
	темпы роста, изменение состава туши, нарушения в развитии мышечной массы	инсулиноподобный фактор роста 1 (IGF-1)		ПДРФ	<i>Saxas-Carillo et al., 1997,</i>
Рост, состав туши	масса при рождении, темпы роста, состав туши	IGT1		ПДРФ	<i>Yu et al., 1995, 1996</i> <i>Stancekova et al., 1999</i>

Продолжение таблицы 2.4.

1	2	3	4	5	6
Рост	влияние на с/сут. прирост через переваримость олигопептидов	аминопептидазаN (ANPER)		ПДРФ, ПЦР-ПДРФ	<i>Nielsen et al., 1996</i>
Рост, жирность, использование корма	изменение роста, жирности, использования корма	Меланокортин рецептор 4 (MC4R)		ПЦР-ПДРФ	<i>Nezer et al., 1999</i> <i>Jeon et al., 1999</i>
Толщина шпика, использование корма	дисбаланс энергии в организме, изменение толщины шпика	Лептин	Ц ³⁴⁶⁹ →Г	ПЦР-ПДРФ	<i>Jiang, Gibson, 1999</i>
Состав туши у пород кр. белая, ландрас и диких свиной	содержание мяса и жира в туше	инсулиноподобный фактор роста 2 (IGF-2)	Ц ³⁴⁶⁹ →Т	ПЦР-ПДРФ	<i>Nezer et al., 1999</i> <i>Jeon et al., 1999</i>
Отечная болезнь и диарея поросят пород ландрас, доррок, пьестрен, гермшир, эдельшвайн	чувствительность к отечной болезни и диарее F18	Фукозилтрансфераза (FUT1)	Г ³⁰⁷ →А, А, G		<i>Voegeli et al., 1996</i> <i>Mejerink et al., 1997</i>
Цвет кожи, нарушение меланогенеза	доминантный белый цвет кожи,	рецептор фактора роста створловых клеток (KIT-ген)	дупликация гена	количественный ПЦР	<i>Johansson-Moller et al., 1996</i>
Цвет кожи	черный цвет кожи, проявление пигментации	Меланокортин рецептор 1 (MC1R)		ПЦР-ПДРФ SSCP	<i>Kijas et al., 2000</i>

2.7. Разработка и эффективность использования методов маркерной селекции

2.7.1. Сравнительная оценка методов диагностики стрессчувствительности свиней и методов профилактики

Современное развитие свиноводства предполагает использование интенсивной селекции на повышение мясности туш, что способствует возникновению ряда негативных явлений. Наиболее распространенными из них являются: ослабление естественной резистентности и стрессовый синдром злокачественной гипертермии, который приводит к увеличению отхода поросят и резкому ухудшению качества свиномы.

Причиной возникновения стресса является недостаток в организме противовоспалительных гормонов (глюкокортикостероидов) и, в частности, антистрессового гормона – кортизона, который отвечает за повышение глюкозы в крови при стрессе.

Проверка животных на подверженность к стрессу различными методами имеет большое значение в селекционном процессе. Ряд авторов [167] указывают на различную степень проявления стресс-синдрома у животных разных пород в зависимости от их отселекционированности на мясные качества. О высокой эффективности селекции животных с использованием стресс-тестов на улучшение мясной продуктивности указывают Carden A.E., Hill W.G. (1985); Clarke H. (1972) [168; 176, с. 33-34; 208, 216,].

В практике мирового свиноводства для оценки устойчивости свиней к стрессам применяют различные методы. Наиболее надежным из них считается способ, основанный на измерении кислотности, цвета и влагоудержания мяса. Он широко используется в странах Западной Европы, особенно в Германии, где при убое по этим признакам оценивают почти все туши, а результаты косвенно используют в селекции. Однако этот метод для ведения эффективной селекции малопригоден, так как связан с убоем животных.

Широкое распространение получил разработанный в США в 1974 году так называемый галотановый тест. Для этой цели пороссятам в возрасте 5-12 недель накладывается специальная маска и подается смесь галотана – 2-5 % и кислорода – 95-98 %. У неустойчивых к стрессам животных спустя 45-50 секунд возникает злокачественная гипертермия, учащение пульса, одышка и другие характерные признаки [234, с. 46-49; 247, с. 68-72].

Проведенные исследования показали, что свиньи породы ландрас

реагировали на галотан в 87 % случаев, немецкий ландрас – в 70 % случаев. У свиней крупной белой породы не зарегистрировано ни одного случая чувствительности к стрессам. Частота положительной реакции у различных пород варьировала в странах Европы от 0 до 88 % [219, 220, 223, 224, 225, 263, 265, 266, 268, 273].

Учитывая положительные и отрицательные стороны изложенных способов, Романовым Ю.Д., Трощенко Л.В. и Никитченко И.Н. в 1982 г. был разработан новый метод оценки свиней различного возраста на устойчивость к стрессу по иммунологическому шоку. Свиньям в возрасте 45-80 дней вводили 1,5-2,5 мл 50%-ной суспензии смеси эритроцитов в краевую ушную вену. При внутривенной инъекции 50% суспензии антигена A^c у некоторых из них наступает посттрансфузионный иммунологический шок легкой степени, по наличию или отсутствию которого свиней подразделяют на стрессположительных и стрессустойчивых.

С развитием молекулярной генетики и молекулярной биологии становится возможной идентификация генов, напрямую или косвенно связанных с хозяйственно-полезными признаками (геномный анализ). Выявление первоначальных, с точки зрения селекции, вариантов таких генов позволит, дополнительно к традиционному отбору животных, проводить селекцию непосредственно на уровне ДНК, то есть по генотипу (маркерзависимая селекция).

Селекция по генотипу имеет ряд преимуществ перед традиционными методами. Она не учитывает изменчивости хозяйственно-полезных признаков, обусловленных внешней средой, и делает возможной селекцию в раннем возрасте независимо от пола животных. Селекция по генотипу способствует идентификации и быстрому введению предпочтительных аллелей из ресурсных популяций и популяций реципиентов с целью повышения продуктивности и устойчивости к заболеваниям улучшаемых пород животных.

Во Всероссийском государственном научно-исследовательском институте животноводства (ВИЖ) был проведен анализ данных, позволяющих определить спектр генов-кандидатов локусов количественных признаков, оказывающих влияние на развитие признаков (рисунок 2.23). Геном-кандидатом чувствительности к стрессам выявлен риадиноновый рецептор (Ryr1). Затем для этого гена были разработаны тест-системы для анализа их аллельного полиморфизма, основанных на методе ПУР-ПДРФ анализа, и выполнены популяционно-генетические исследования с установлением частоты встречаемости аллелей. [49, с. 82-85; 141.].

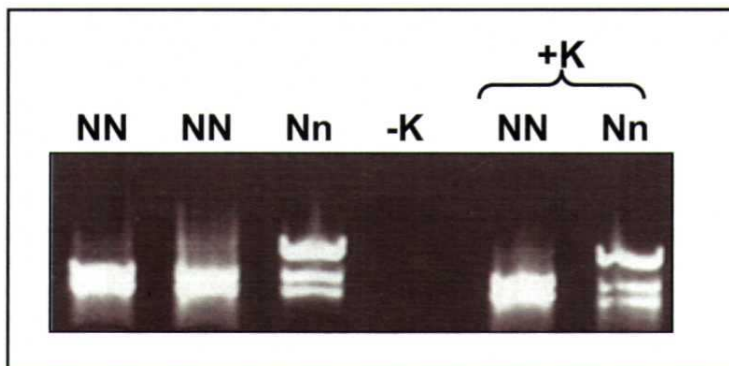


Рисунок 2.23 – ПЦР-ПДРФ анализ свиней по вариантам гена *RYR1*

Результаты собственных исследований:

Галотановый тест. Определялась стрессустойчивость 5-6-недельных поросят крупной белой породы и их помесей. Данные представлены в таблице 2.5.

Таблица 2.5 – Результаты тестирования свиней на стресс методом галотановой пробы

Генотипы	n	С ++		С +-		С - -	
		кол. гол. л.	%	кол. гол.	%	кол. гол.	%
Крупная белая	318	-	-	9	2,9	309	97,1
Двухпородная помесь	230	7	3,0	5	2,11	218	94,9
Трехпородная помесь	305	16	5,5	10	3,0	279	91,5

Примечание:

С ++ - положительная реакция на галотан

С +- - сомнительная реакция

С - - отрицательная реакция

В двухпородном скрещивании использовались, кроме крупной белой породы, мясные породы ландрас и эстонская беконная, в трехпородном – те же породы и йоркшир. Анализ результатов тестирования позволяет судить о различном уровне стрессчувствительности кон-

трольных животных от 0 у крупной белой до 5,5 % у трехпородных помесей. Отсюда можно сделать вывод о сцеплении признаков положительной реакции на галотан у животных с большой долей крови импортных мясных пород. Животные крупной белой породы не имели положительной реакции на галотан, отмечалась лишь сомнительная реакция.

Тест по иммунологическому шоку. Изучалась стрессустойчивость поросят двух заводских типов крупной белой породы свиней: «Минского» (Мт) и «Витебского» (Вт). Данные представлены в таблице 2.6.

Таблица 2.6 – Результаты теста на стресс методом иммунологического шока

№ п/п	Генотипы	Количество животных	Количество животных реагирующих на анти ген А ^с			
			положительно		сомнительно	
			голов	%	голов	%
1	Мт × Мт	15	-	-	-	-
2	Вт × Вт	15	1	6,67	1	6,67
3	Вт × Мт	15	2	13,33	1	6,67
4	Мт × Вт	15	-	-	-	-

В результате проведенных исследований установлено, что наиболее устойчивыми к стрессу являются поросята заводского типа «Минский» и помеси, полученные от сочетания Мт х Вт, у которых не выявлено положительной реакции на введение антигена А^с. Во 2 группе обнаружено 6,67 % стрессчувствительных поросят и незначительное увеличение их в 3 группе – 13,33 %, положительно реагирующих на антиген А^с.

Таким образом, животные «Витебского» типа более подвержены стресссиндрому, чем свиньи «Минского». Это подтверждает реакция свиней на стресс в 3 группе, где частота стресснеустойчивых свиней повышалась до 13,33 %.

Тест на риадиноновый ген-рецептор.

Результаты генетического тестирования самой крупной популяции свиней в Беларуси – крупной белой породы – представлены в таблице 2.7. Стрессустойчивость изучалась на основных и ремонтных хряках и свиноматках, а также откормочном поголовье в различных регионах республики. На рисунке 2.23 визуальны представлены генотипы животны погену RYR 1.

Таблица 2.7 – Частота аллелей и генов рианодинового гена-рецептора у свиней крупной белой породы

Хозяйство	Половозрастная группа	Кол. гол.	Частоты генотипов, %		Частоты аллелей	
			NN	Nn	N	n
СГЦ «За-днепровский»	хр. Основные	20	100,0	0,0	1,0	0,0
	хр. ремонт.	36	100,0	0,0	1,0	0,0
	к. откорм	47	95,7	4,3	0,98	0,02
Племзавод «Индустрия»	хр. Основные	59	100,0	0,0	1,0	0,0
Совхоз-комб. «Заря»	св. основные	87	100,0	0,0	1,0	0,0
В среднем		384	98,7	1,3	0,99	0,01

Анализ данных таблицы 2.7 показал, что у свиней крупной белой породы стрессчувствительного генотипа nn выявлено не было вообще, а гетерозиготный генотип Nn встречался в среднем с частотой 1,3 %.

Результаты анализа остальных плановых пород по вариантам гена RYR1 представлены в таблице 2.8. Как показано в таблице, гомозиготный генотип nn выявлен не был. Наиболее высокий процент особей, несущих чувствительный к стрессам аллель n в гетерозиготном состоянии, отмечен у свиней породы ландрас (40,8 %).

Таблица 2.8 – Частота аллелей и генов рианодинового (RYR1) гена рецептора у свиней плановых пород РБ

Порода	Число голов	Частоты генотипов, %		Частота аллелей	
		NN	Nn	N	n
Белорусская чернопестрая	104	94,3	5,7	0,97	0,03
Белорусская мясная	55	98,2	1,8	0,99	0,10
Ландрас	48	59,2	4,8	0,80	0,20
Эстонская беконная	45	95,6	4,4	0,98	0,02
Крупная белая × белорусская мясная	77	97,0	3,0	0,98	0,02
Крупная белая	384	98,7	1,3	0,99	0,01
В среднем	713	96,98	3,02	0,9849	0,0151

Полученные результаты исследований на свиньях плановых пород

Беларуси согласуются с данными других авторов. Так, по данным Зиновьевой Н.А. с соавторами [55, с. 73-74], у крупной белой породы свиней частота встречаемости аллеля NN составила 96,4-100%, Nn – 0-3,6 %. Исследованиями Калашниковой Л.А. [61;62, с. 33-39] установлено, что носителями мутации в гетерозиготной форме оказались 8 % свиней скороспелой мясной породы, от 2 до 8 % свиней крупной белой породы мясного направления продуктивности эстонской селекции и 3-15 % свиней породы ландрас. Согласно данным Соколова Н.В. с соавторами [132, с. 5-6] все животные крупной белой породы несли стрессустойчивый генотип NN; 65,0 % свиней породы ландрас имели генотип NN и 34,6% - Nn.

Таким образом, низкая частота встречаемости, а также отсутствие чувствительных к стрессам животных с генотипом nn у основной плановой породы Беларуси – крупной белой – указывает, что нет необходимости проведения полной молекулярной генной диагностики стрессовой чувствительности. С целью исключения стрессчувствительных животных достаточно проведения диагностики среди используемых и ремонтных хряков.

При селекции материнских пород свиней (крупная белая, белорусская черно-пестрая) необходима полная элиминация животных-носителей, а при работе со специализированными мясными породами необходимо проводить подбор с целью нивелирования отрицательных последствий мутации.

Стрессустойчивость изучалась на основных хряках, ремонтных хряках и свинках и откормочном поголовье на контрольном откорме. Анализ данных таблицы 3 показал, что наиболее высокий процент особей, несущих чувствительность к стрессам ген-рецептор, отмечен у породы ландрас – 39,4 %, среднее значение наблюдалось у белорусской черно-пестрой породы – 7 % и минимальное – у крупной белой породы – 1,7 %.

Наиболее наглядно рассмотреть проблему распространения генетической мутации детерминирующей проявление стресс-синдрома возможно по данным частотности аллелей гена RYR1 у различных пород свиней (рисунок 2.24). Как следует из данных ученых ВИЖ [122, 123, 125, 141] и наших исследований [24-А, 25-А, 26-А, 27-А, 29-А, 45-А, 55-А; 41-А, с. 74-75; 42, с. 25-27] в сравнительном аспекте, этот вопрос весьма актуален для белорусской популяции свиней и особенно мясных генотипов.

Было установлено [186, с. 448-451], что чувствительность к злокачественной гипертермии у свиней вызывается точковой мутацией Ц→Т в позиции +1843 гена рианодинового рецептора RYR1, приво-

дядшей к аминокислотной замене Arg→Cys в позиции 615. Открытие данной мутации позволило разработать молекулярно-генетический тест, позволяющий четко идентифицировать генотипы свиней (NN – стрессоустойчивые не носители, Nn – стрессоустойчивые скрытые носители, nn – стрессочувствительные носители).



Рисунок 2.24 – Частоты встречаемости аллелей гена Rir 1у различных пород свиней

Нами разработана и предлагается схема профилактики стресса (рисунок 2.25). Суть данной методики в тестировании всей активной части популяции хряков и хрякопроизводящей группы маток(30 % от основного стада или племядра) и выбраковка всех больных животных и носителей.

Материнские породы свиней должны быть свободными от стресса!

Допускается использование хряков мясных пород с генотипом Nn на финальном этапе в промзоне для получения финальных помесей или гибридного молодняка (без права саморемонта).

Исследования нескольких пород свиней России и Белоруссии по вариантам RYR1 позволили установить относительно низкий процент особей, несущих чувствительный к стрессам аллель n среди животных крупной белой и родственных ей пород [168, 6, 7, 32, 40, 49, 70, 81, 82,

89, 98, 108, 122, 135, 141, 147]. У специализированных мясных пород свиней частота нежелательного аллеля *n* и гетерозиготного аллеля *Nn* была относительно высокой и составляла у свиней породы ландрас, соответственно, 39,4 и 19,7 % [273, с. 11-13]. Носителями мутации в гетерозиготной форме оказались около 8 % свиней скороспелой мясной породы, от 2 до 8 % свиней крупной белой породы мясного направления продуктивности эстонской селекции и от 3 до 15 % свиней породы ландрас [40].



Рисунок 2.25 – Метод подбора для профилактики стрессиндрома

Низкая частота встречаемости, а также отсутствие чувствительных к стрессам животных с генотипом *nn* позволяет сделать вывод о том, что для товарного свиноводства России, базирующегося, в основном, на крупной белой породе, нет необходимости в проведении молекулярной генной диагностики стрессовой чувствительности. С целью исключения появления стрессочувствительных животных в крупной белой породе достаточно проведения MHS-диагностики только среди

племенных хряков.

У мясных пород, в случае относительно высокой частоты встречаемости аллеля *p* среди хряков (>10 %), следует проводить диагностику и среди племенных свиноматок [236]. Стрессчувствительность тесно связана с кислотностью мяса и косвенным, но наиболее точным методом оценки качества мяса (определение PSE и DFD пороков) является оценка уровня свободных водородных ионов H^+ . При этом скорость повышения или понижения pH зависит от скорости гликолиза. При быстром повышении кислотности через 1 час, 6, 12 и 24 часа наблюдается закисание мяса, денатурация белков и большие потери мясного сока до уровня 1,5 ед. – порок PSE – мягкое бледное экссудативное и, наоборот, при низких значениях кислотности (pH более 6,5 ед.) отмечается порок DFD – тонкое, твердое, жесткое. Такое мясо поддается гниению и плохо хранится.

Поэтому в селекции свиней важно пользоваться способом быстрой оценки pH мяса для диагностирования пороков и стрессустойчивости. Наиболее подходящим прибором для этой цели, заменяющим все вышеописанные дорогостоящие и трудоемкие методы, является мобильный ионометрический измеритель кислотности «Статус-2» с электродом в стилете, позволяющий прямо на тушах определять уровень кислотности и, сопоставляя с визуальными характеристиками, делать заключение по качеству свинины.

Встречающийся у свиней синдром злокачественной гипертермии, который определяется геном RYR1, приводит к значительным экономическим и продуктивным потерям в свиноводстве по причине снижения резистентности, энергии роста молодняка и качества свинины.

Анализ эффективности различных методов оценки стресса у свиней позволяет сделать следующие выводы:

1. Метод оценки стрессустойчивости свиней по тесту на рианодиновый рецептор является наиболее точным и современным из всех ныне существующих методов, так как он исключает сомнительную реакцию и его проведение возможно на всех половозрастных группах животных. Применение этого метода перспективно как наиболее эффективного учитывающего селекционно-генетический фактор наследуемости признака.

2. Исследования показали, что более устойчивыми к стрессу были животные крупнобелой породы, а стрессчувствительными – породы мясного направления продуктивности: ландрас, йоркшир, эстонская беконная.

3. Для устранения негативного влияния этого фактора необходимо тестирование всей активной популяции свиней с выбраковкой стресс-

чувствительных хряков. К свиноматкам-носителям гена RYR1 необходимо подбирать стрессустойчивых хряков, что позволит получать здоровый молодняк.

4. В условиях товарного свиноводства целесообразно использовать способ косвенного тестирования качества мяса и стрессчувствительности животных мобильными рН-метрами.

2.7.2. Повышение качества свинины и скороспелости молодняка БКБ породы методом маркерной селекции

Классические методы селекции по улучшению мясо-откормочных качеств, и особенно качества свинины, имеют определенные ограничения, связанные с неблагоприятным действием среды и отсутствием объективной оценки генетического качества животных. Фактически селекция ведется методом оценки по фенотипу (отбор и подбор) с учетом некоторых генетических факторов определяемых косвенно методом популяционной генетики. В сложившихся условиях, при требованиях рынка на производство мясных туш с их высоким качеством, возникла потребность в более точной оценке исходных генотипов методами ДНК-технологии. Достигнутый уровень этих признаков в популяциях свиней России и Белоруссии значительно отстает от данных требований. Необходимо наряду с использованием более эффективных селекционных методов (по принципу Pig-BLAP) применять приёмы маркер зависимой селекции. Одним из таких приёмов является использование генетического маркера H-FABP. Полиморфизм данного гена влияет на показатели качества мяса, а именно на содержание внутримышечного жира – суммы внутриклеточных, межклеточных и межволоконных жировых компонентов. Содержание внутримышечного жира и его высокие вкусовые и технологические качества определяет показатель мраморности мяса. Селекция на мясность приводит к снижению количества внутримышечного жира и уменьшению мраморности мяса. Так, содержание его у свиней породы ландрас составляет 2,3 %, крупной белой – 3,4-5,7 %.

Показатели мраморности мяса и толщины шпика между собой коррелируют незначительно. Коэффициент же наследования содержания внутримышечного жира относительно высок (0,3). Это является предпосылкой для проведения селекции на увеличение содержания внутримышечного жира без значительного увеличения толщины шпика, однако из-за низкой вариабельности признака использование традиционных исходов селекции не позволяет добиться значительных успехов.

В качестве гена-кандидата содержания внутримышечного жира

рассматриваются гены, кодирующие белки и ферменты, участвующие в обмене липидов. В этой связи интерес представляет FABP-белки, связывающие жирные кислоты.

При исследовании полиморфизма гена H-FABP были выявлены три аллеля A, D и H, обуславливающие три класса полиморфизма. Исследованиями установлено, что предпочтительным с точки зрения селекции является генотип aaddHH. В сообщении Gerbensetal [188, с. 347-354] определено, что животные, имеющие такой генотип, превосходят аналогов по содержанию внутримышечного жира на 0,4 %, толщине шпика – на 0,6 мм и по живой массе – на 2,4 кг при достоверной разнице ($P>0,95$). Можно предположить, что ген H-FABP оказывает косвенное влияние на некоторые показатели продуктивности откармливаемого молодняка свиней (толщина шпика и др.).

Частота презумптивно предпочтительных генотипов у свиней крупной белой породы российской селекции варьирует: dd – от 8 до 34,8 %; HH – от 71,4 до 100 %. В исследованиях Арсиенко Р.Ю., Гладырь Е.А. [4, с. 94-96] полиморфизм по аллелю A, как и в нашем опыте [33-A, 35-A; 41-A, с. 81-84; 42-A, с. 28-34], не выявлен.

Исследование связи между откормочными и мясными качествами свиней и генотипами по H-FABP было проведено нами на свиньях белорусской селекции. Исследования проводились в 2 этапа: в условиях контрольно-испытательных станций по свиноводству (КИСС) СГЦ «Заднепровский» Витебской области и Республиканской станции (г. Гродно) на откормочном молодняке крупной белой и белорусской мясной пород. У исследуемых животных отбирали пробы генетического материала с ушной раковины, из которых в условиях лаборатории молекулярной генетики (ВИЖ, Россия) была выделена ДНК и оптимизированы тест-системы для анализа полиморфизма гена H-FABP (рисунки 2.26-2.27).

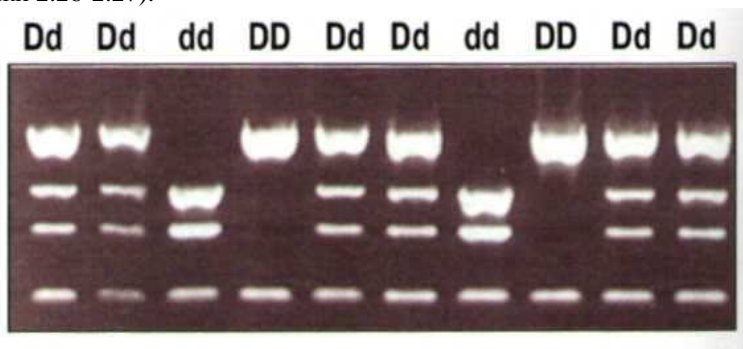


Рисунок 2.26 – ПЦР-ПДРФ анализ генотипов гена H-FABP свиней

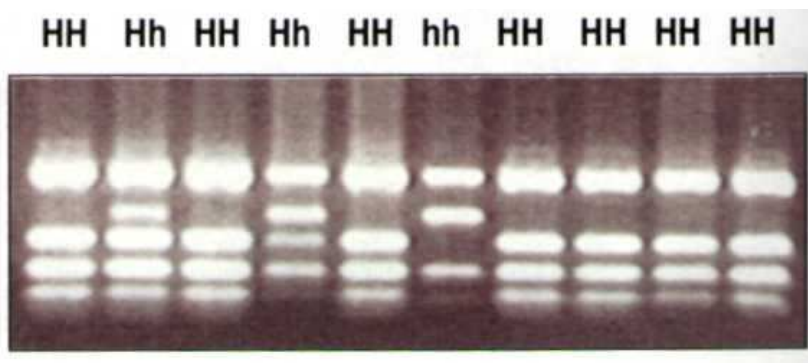


Рисунок 2.27 – ПЦР-ПДРФ анализ генотипов гена *H-FABP* свиней

Анализ результатов генетических тестов крупной белой и белорусской мясной пород позволил выявить частоты встречаемости аллеля генотипов D и H гена *H-FABP* (таблица 2.9). По аллелю A полиморфизма выявлено не было. Все животные имели генотип AA.

Таблица 2.9 – Частоты встречаемости аллелей и генотипов системы *H-FABP* свиней крупной белой и белорусской мясной пород

Порода	Число голов	Частоты генотипов, %			Частоты аллелей	
		DD	Dd	dd	D	d
Крупная белая	77	13,0	37,7	49,3	0,32	0,68
Белорусская мясная	63	3,2	62,0	34,8	0,34	0,66
		HH	Hh	hh	H	h
Крупная белая	66	80,3	10,6	9,1	0,86	0,14
Белорусская мясная	63	71,4	22,2	6,4	0,83	0,17

Согласно представленным в таблице 2.9 данным, частота встречаемости предпочтительного генотипа dd у свиней крупной белой породы составила 49,3 %, белорусской мясной – 34,8 %, генотипа HH – 80,3 и 71,4 %, соответственно. Нежелательные аллели D и h у изучаемых пород присутствовали примерно в одинаковой степени – 0,32-0,34 и 0,14-0,17 %, соответственно.

Результаты оценки молодняка крупной белой породы по откормочным и мясным качествам в зависимости от их генотипов (таблица 2.10) показали устойчивую положительную тенденцию роста всех откормочных и мясных качеств свиней крупной белой породы с презумтив-

Таблица 2.10 Результаты контрольного откорма свиной крупной белой породы в зависимости от генотипа Н-Н-АВР

Гено- типы	п	Откормочные качества			Мясные качества				Убойный выход, %
		Затраты корма, к. ед.	Средне- суточный прирост, г.	Длина туши, см	Толщина шпика, мм	Масса окоорока, кг	Площадь «мышечного глазка», см ²		
DD	12	3,5±0,05	754±10,0	95,9±0,43	27,1±0,08	10,4±0,19	28,0±0,62	66,6±0,2	
Dd	29	3,51±0,07	752±14,8	96,5±0,40	26,8±0,78	10,6±0,12	29,2±0,45	66,9±0,23	
dd	38	3,42±0,1	760±8,08	96,9±0,30	26,0±0,2 ^x	11,0±0,1 ^x	31,5±0,56	68,6±0,18 ^x	
НН	53	3,44±0,08	773±8,25	97,7±0,25	25,9±0,54	10,9±0,08	31,1±0,46	67,3±0,17	
Нн	7	3,43±0,15	703±32,7	97,0±1,08	25,8±1,8	10,7±0,17	30,5±1,35	67,2±0,69	
hh	6	3,88±0,18	682±26,6	95,0±1,34	28,2±1,3	10,7±0,32	28,8±0,61	66,4±0,21	

Примечание: разница между генотипами DD и hh достоверна при X-P : 0,05.

Таблица 2.11 – Результаты контрольного откорма свиной крупной белой породы в зависимости от сочетаний генотипов по Н-Н-АВР

Сочета- ние geno- типов	Откормочные качества			Мясные качества				Убойный выход, %
	Затраты корма, к.ед.	Среднесуточные прирост, г	Длина туши, см	Толщина шпика, мм	Масса окоорока, кг	Площадь «мышечного глазка», см ²		
ddНН	3,29±0,16	753±10,2 ^x	97,9±0,34	25,3±0,83 ^x	11,0±0,11	31,8±0,72 ^x	67,5±0,23	
DdНН	3,52±0,08	744±16,1 ^x	96,7±0,44	25,6±0,83 ^x	10,8±0,16	29,7±0,64 ^x	67,0±0,30	
Ddhh	4,04±0,29	653±30,0	95,7±2,85	30,0±1,32	10,6±0,58	28,0±0,48	66,0±0,27	
DdHh	3,21±0,20	726±27,4	97,8±1,2	28,0±1,7	10,5±0,03	28,7±1,53	66,8±0,55	

Примечание: разница между сочетаниями: Ddhh, ddНН и Ddhh достоверна при x-P ≤ 0,05.

но-предпочтительными генотипами dd и HH. Отмечено достоверное ($p < 0,05$) снижение толщины шпика на 4,1 и 8,0 % у животных с генотипами dd и HH по сравнению с рецессивными гомозиготными генотипами DD и hh. Также у свиней с предпочтительными генотипами площадь «мышечного глазка» была выше на 8,1-12,5 % ($P < 0,05$), а энергия роста – на 0,79-13,3 % ($P < 0,05$). Таким образом, по продуктивности свиней крупной белой породы можно установить следующее паритетное соотношение генотипов: $dd > Dd > DD$ и $HH > Hh > hh$.

Исследования сочетаний генотипов у крупной белой породы выявило 4 из 9 возможных комбинаций аллелей. В таблице 2.11 представлены данные взаимосвязи сочетаний генотипов по H-FABP с откормочной и мясной продуктивностью свиней крупной белой породы.

Анализ сочетаний генотипов по H-FABP указывает на статистически достоверную ($P < 0,05$) тенденцию к увеличению прироста живой массы, снижению толщины шпика и повышению площади «мышечного глазка» у животных, несущих предпочтительные сочетания генотипов dd-HH и Dd-HH по сравнению с генотипом Dd-hh. Среднесуточный прирост живой массы у них был выше на 15,3 и 13,9 % ($P < 0,05$), толщина шпика – ниже на 15,7 и 14,7 % ($P < 0,05$) по сравнению с сочетанием Dd-hh. Отмеченная тенденция распространяется также на все остальные показатели откормочной и мясной продуктивности свиней крупной белой породы. Животные, несущие гетерозиготные генотипы Dd-Hh, занимали промежуточное положение.

У молодняка свиней крупной белой породы по генотипам гена H-FABP отмечалась значительная вариация признаков мясотокормочных качеств ($C_v = 8,5-14,7$ %), что указывает на резервы в селекции.

Для подтверждения полученных результатов было проведено второе, более полное и глубокое исследование на свиньях крупной белой породы в условиях контрольно-испытательной станции по свиноводству (КИСС) СГЦ «Заднепровский» в аналогичных условиях кормления и содержания. Частоты встречаемости аллелей генотипов ДиН гена H-FABP у опытных свиней суммированы в таблице 2.12.

Таблица 2.12 – Частоты встречаемости генотипов и аллелей системы H-FABP свиней крупной белой породы

Число голов	Частоты генотипов, %			Частоты аллелей	
	DD	Dd	dd	D	d
40	15,0	52,5	32,5	0,41	0,59
	HH	Hh	hh	H	h
30	86,7	13,3	-	0,93	0,07

Результаты оценки молодняка крупной белой породы свиней по откормочным и мясным качествам в разрезе их генотипов по гену H-FABP представлены в таблице 2.13.

Анализ данных таблицы 2.13 показывает, что достоверных различий между генотипами по показателям продуктивности откармливаемого молодняка выявлено не было. Отсутствие данных по генотипу hh связано с тем, что сравнение было невозможно из-за наличия только одного животного. Была отмечена устойчивая тенденция уменьшения толщины шпика у животных с генотипом dd над аналогами с генотипами Dd и DD (22,8<23,6<24,5 мм, соответственно) и HH и Hh (23,5<26,0 мм). Также была отмечена тенденция к увеличению площади «мышечного глазка» у животных, несущих предпочтительные генотипы dd и HH.

Исследования сочетаний генотипов выявило 4 из 9 возможных комбинаций.

В таблице 2.14 представлены данные связи генотипов гена H-FABP с продуктивностью свиней.

В результате исследований, суммированных в таблице 2.14, было выявлено, что тенденция к понижению толщины шпика у свиней с генотипами dd и Dd сохранилась. При сочетании генотипов по этому показателю данные распределились следующим образом: DdHH<ddHH<DDHH<DdHh (21,6<23,3<24,6<26,7 мм, соответственно), причем разница между генотипами DdHH и DdHh была достоверной ($P < 0,05$).

Также была отмечена тенденция к увеличению площади «мышечного глазка» у свиней с предпочтительными сочетаниями генотипов ddHH и DdHH. Отсутствие достоверности полученных результатов в исследованиях можно объяснить малой выборкой животных в сочетаниях генотипов (3-10 голов). Результаты изменения толщины шпика и морфологического состава туш свиней крупной белой породы представлены в таблице 2.15.

Как свидетельствуют эти данные, подтверждается ранее обозначенная устойчивая тенденция к снижению толщины шпика у животных, несущих предпочтительные сочетания генотипов ddHH и DdHH, по сравнению с гетерозиготным DdHh и доминантным гомозиготным генотипом DDHH, причем она сохранялась во всех шести точках, в которых проводилось измерение.

Таблица 2.13 – Результаты контрольного откорма и убоя молодяка свиной К5 породы в зависимости от генотипа Н-FAВР

Гено- типы	Откормочные качества			Мясные качества				Убойный выход, %
	Возраст 100 кг, дней	Затраты корма, к.ед.	С/с прирост, г	Длина туши, см	Толщина шишка, мм	Масса окорока, кг	Площадь м/г, см ³	
DD	185,5±3,0	3,55±0,07	715,2±25,6	96,8±0,8	24,5±1,7	10,9±0,1	33,8±0,7	69,6±0,6
Dd	195,7±1,4	3,74±0,05	670,5±9,3	96,6±0,7	23,6±0,9	10,8±0,1	34,9±0,7	67,0±0,6
dd	195,2±2,9	3,68±0,07	680,0±17,9	97,5±0,6	22,8±1,1	10,7±0,1	35,3±0,8	67,2±0,5
HH	193,8±1,9	3,69±0,05	681,0±11,9	97,2±0,5	23,5±0,8	10,9±0,1	34,6±0,5	67,8±0,4
Hh	195,8±4,4	3,74±0,08	663,5±17,3	98,3±1,3	26,0±0,9	11,0±0,1	34,8±1,1	68,3±1,2

Таблица 2.14 – Результаты контрольного откорма свиной крупной белой породы в зависимости от сочетаний по Н-FAВР

Сочетание генотипов	Голов, п	Откормочные качества			Мясные качества				Убойный выход, %
		Возраст дост, 100 кг, дней	Затраты корма, к.ед.	С/с прирост, г	Длина туши, см	Толщина шишка, мм	Масса окорока, кг	Площадь «м/г», см ³	
ddHh	9	195,2±4,1	3,7±0,1	680±24,1	97,2±0,8	23,3±1,4	10,6±0,2	35,0±1,1	66,9±0,6
DdHh	10	196,8±2,0	3,7±0,07	669±14,2	97,5±1,2	21,6±1,4	11,0±0,2	34,9±0,7	67,0±0,8
DDHh	5	184,6±3,5	3,6±0,09	718±31,3	96,4±0,7	24,6±2,1	11,9±0,1	33,8±0,8	68,4±1,5
DdHh	3	197,7±5,6	3,8±0,08	651±17,4	98,3±1,8	26,7±0,9	11,0±0,1	35,0±1,5	67,7±1,4

* P 0,05

Таблица 2.15 – Толщина шника и морфологический состав туш свиной крупной белой породы в зависимости от сочетаний по Н-FAВР

Сочетание генотипов	Толщина шника, мм				Морфологический состав туш, %		
	6-7 грудной позвонок	лолка	поясница	крестец, средняя	мясо	сало	кости
ddHh	22,3±1,5	28,0±3,5	16,7±1,5	20,0±0,9	70,0±1,7	13,9±1,4	16,0±2,9
DdHh	24,1±1,4	31,8±2,3	18,8±0,8	21,6±0,8	68,5±0,8	16,4±0,8	15,1±0,3
DDHh	24,5±1,3	35,2±2,9	22,8±2,1	23,8±2,0	68,0±1,1	17,2±1,8	14,8±0,9
DdHh	24,6±1,0	34,6±3,0	17,6±0,5	25,9±2,6	67,0±1,7	18,8±1,8	14,2±0,7

Исследования морфологического состава туш (рисунок 2.28) подопытных животных выявили тенденцию в уменьшении доли сала в общем морфологическом составе в зависимости от генотипа: ddNH < DdNH < DDNH < DdNh или 14,0 < 16,4 < 17,2 < 18,8 %, соответственно. Содержание мяса в тушах было самым высоким у свиней с генотипом ddNH – 70 %, что было на 1,5-3 % выше, чем у других генотипов. Нами были проведены исследования химического состава и физических свойств мяса в зависимости от генотипов по H-FABP и представлены в таблице 2.16. Анализ данных позволяет сделать вывод об отсутствии достоверных различий между сочетаниями генотипов по содержанию внутримышечного жира у исследуемого поголовья свиней.

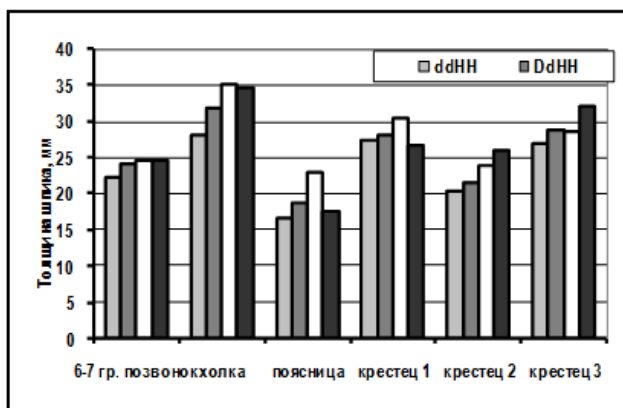


Рисунок 2.28 – Зависимость толщины шипка от генотипов H-FABP

Таблица 2.16 – Химический состав и физические свойства мяса свиней крупной белой породы в зависимости от сочетаний по H-FABP

Сочетание генотипов	Внутримышечный жир, %	Протеин, %	Показатель цветности, ед. экстинкции	Активная реакция среды, pH	Увариваемость, %	Влагоудержание, %
ddNH	5,8±0,4	19,6±0,2	81,7±1,86	5,8±0,06	38,0±0,5	52,2±0,38
DdNH	5,0±0,3	19,8±0,2	82,0±2,19	5,9±0,03	36,3±0,82	51,6±0,36
DDNH	5,7±0,3	19,9±0,3	80,0±3,03	5,9±0,05	36,6±0,79	52,3±0,21
DdNh	5,6±0,4	19,7±0,2	84,2±2,35	5,8±0,05	37,6±0,76	51,8±0,28

Однако некоторая тенденция по превосходству (рисунок 2.29) животных с сочетанием предпочтительного генотипа ddNH наблюдается,

что выражается схемой: ddHH>DDHH>DdHh>DdHH или 5,86 > 5,7 > 5,69 > 5,07 %, соответственно. Выявленная тенденция не получила статистического подтверждения, по всей видимости, из-за малой выборки животных (4-6 голов).

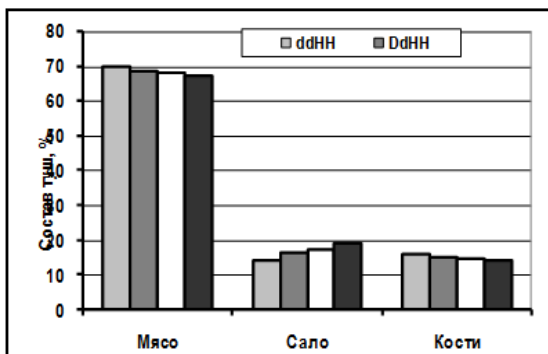


Рисунок 2.29 – Морфологический состав туш свиней в зависимости от генотипов гена *H-FABP*

Показатели химического состава и физических свойств мяса между собой существенно не различались и находились в пределах физиологических норм. Изучение изменчивости откормочных и мясных качеств показало значительную вариацию этих признаков. Так, коэффициент изменчивости (C_v) по среднесуточному приросту колебался в пределах 6,73-10,8 %, толщины шпика – 6,9-23,3 %, площади «мышечного глазка» - 2,8-5,7 %, содержания внутримышечного жира – 5,8-14,3 %, что указывает на значительные резервы в селекционной работе.

По сообщениям российских исследователей Гладырь Е.А. и др. [18, с.64-65; 20, с. 52-56], установлены аналогичные предпочтительные генотипы: dd и HH и их сочетания ddHH и DdHH, что также подтверждается ранее полученными данными.

В результате наших исследований было выявлено, что по показателям толщины шпика в четырех точках, содержанию внутримышечного жира, а также по содержанию сала в туше по данным обвалки наблюдалась тенденция к снижению этих показателей у животных с сочетаниями генотипов ddHH и DdHH по сравнению с сочетаниями DDHH и DdHh.

Наглядным подтверждением результатов исследований по сочетаниям генотипов по *H-FABP* свиней крупной белой породы служат изо-

бражения полутуши свиней и отрубов полутуш (рисунки 2.30 и 2.31). На них представлены (слева направо) сочетания генотипов: dd-НН; Dd-НН и Dd-Нн. На изображениях визуально отмечается значительная вариация признаков фенотипического проявления исследуемых генотипов по таким показателям, как толщина шпика и площадь «мышечного глазка».

Топография жиротложения на полутушах ровная и его величины соответствуют качеству для туш I и II категории. По морфологическому составу, в тушах содержится от 58 до 62 % мяса, что подтверждают материалы приведенных выше исследований и соответствует самым высоким потребительским свойствам свинины.

Основным критерием оценки генотипов являются их убойные качества или масса и качество туши, её коммерческая стоимость. Наиболее наглядно эти критерии можно оценить по результатам сравнения полутуш и отрубов (рисунки 2.30 и 2.31). Очевидно, что наиболее качественная туша и отруб корейки между 6 и 7 грудными позвонками был в 1 варианте (генотип ddНН).



Рисунок 2.30 – Полутуши свиней крупной белой породы при убое в 100 кг



Рисунок 2.31 – Отруба полутуши свиней крупной белой породы

В результате проведенных исследований было установлено:

- полиморфизм гена *H-FABP* оказывает определенное влияние на некоторые откормочные и мясные качества свиней белорусской крупной белой и белорусской мясной пород;
- можно предположительно рассматривать ген *H-FABP* как генетический маркер, достоверно ($P < 0,05$) определяющий некоторые продуктивные качества свиней (среднесуточный прирост живой массы, толщину шпика, площадь «мышечного глазка»);
- для повышения эффекта селекции по рассматриваемым продуктивным признакам, отбор и подбор животных желательнее проводить с учетом генотипов по *H-FABP*;
- необходимо создавать резервные популяции желательных генотипов, активно их размножать и использовать.

2.7.3. Повышение продуктивности свиноматок белорусской крупной белой породы методами маркерной селекции

2.7.3.1. Оценка частотности генотипов эстрогенового гена-рецептора *ESR* в БКБ породе и их ассоциации с воспроизводительными качествами

Одним из важнейших показателей эффективности селекционной работы является повышение многоплодия свиноматок. В свиноводстве работы по увеличению размеров гнезда проводят с использованием различных селекционных программ с высокопродуктивными линиями свиноматок, методами гибридизации и вводного скрещивания. Однако прямая селекция на плодовитость малоэффективна в силу низких ко-

эфициентов наследования ($h = 0,1-0,3$) и отрицательного влияния признака фенотипических факторов.

В связи с развитием молекулярной биологии, в настоящее время появилась возможность выделять гены, определяющие признаки продуктивности, определять их полиморфизм и использовать в селекционной работе в качестве маркеров [18, 50].

В качестве маркеров плодовитости свиней рассматриваются гены: эстрогенового рецептора – ESR, бета-субъединицы фолликулостимулирующего гормона (FSHB), рецептора пролактина (PRLR) и др. [429; 156, с. 276-278].

Наиболее широкое распространение в качестве генетического маркера получил ген эстрогенового рецептора (ESR). Полиморфизм данного гена обусловлен наличием двух аллелей: А и В. Исследованиями установлено, что предпочтительным с точки зрения селекции является генотип ВВ. По данным американских ученых, превосходство по многоплодию свиноматок с генотипом ВВ составляло 0,9 поросенка по сравнению с генотипом АА. Исследованиями Н.А. Зиновьевой и др. установлено, что свиноматки крупной белой и уржумской пород с генотипом ВВ превосходили в среднем по размерам гнезда животных с генотипом АА на 0,7-1,4 и 1,3 поросенка, соответственно [54, с. 50-57; 55, с. 73-74].

Следует отметить, что использование гена ESR в качестве маркера плодовитости свиней из Северной Америки и, частично, Европы лимитируется отсутствием у них желательного аллеля В. Особенно это относится к специализированным мясным породам [19, с. 114-115].

Актуальность данных исследований по основной материнской породе свиней в Республике Беларусь – крупной белой – заключается в том, что только данная порода характеризуется полиморфизмом по гену ESR в вариантах аллелей АВ и ВВ. Аллель В положительно влияющий на воспроизводительную функцию и, в частности, на многоплодие, английская крупная белая порода получила от китайской многоплодной породы мэйншан в процессе ее создания в 19 веке. В дальнейшем аллель В перемещался во все вновь создаваемые породы свиней с участием крупной белой.

Механизм генетического влияния эстрогенового рецептора ESR на проявление признака продуктивности свиноматок по многоплодию заключается в контроле выработки женского полового гормона – эстрогена, который определяет воспроизводительные качества. Животные с генотипом АА имеют гипофункцию, а ВВ-гиперфункцию выработки эстрогена, в гетерозиготном варианте АВ его выработка имеет среднее значение.

В качестве исходного материала используются пробы ткани из ушной раковины свиней. Из образцов выделяется ДНК для последующего анализа в лаборатории молекулярной генетики (ВИЖ) полиморфизма гена ESR методом ПЦР-ПДРФ (полимеразно-цепной реакции полиморфизма длин рестрикционных фрагментов). При этом производился отбор хряков и маток с предпочтительными генотипами. Данные исследования необходимы для выявления животных желательного генотипа и их использования в селекционной программе для повышения многоплодия. Визуально полиморфизм гена ESR свиней по серии проб в агаровой среде после электрофореза представлен на рисунке 2.32 по флуоресценции аллельных фракций.

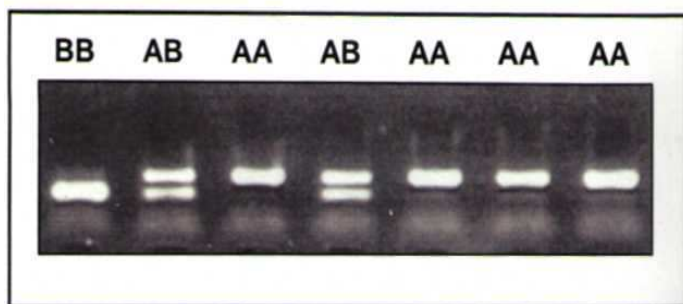


Рисунок 2.32 – ПЦР-ПДРФ анализ генотипов гена ESR свиней

Статистическая обработка результатов исследований проводилась по стандартной методике (Меркурьева и др., 1991 г.). В настоящее время в мировой практике молекулярно-генетические методы исследования ДНК всё более широко используются для оценки генотипа животных. Представляет значительный интерес изучения полиморфизма генов, варианты которых оказывают прямое или косвенное влияние на продуктивные качества животных.

Целью наших исследований было изучение полиморфизма гена ESR и его влияния на плодовитость и продуктивность свиней крупной белой породы в условиях Республики Беларусь. Результаты исследований по генотипическому тестированию свиней крупной белой породы по вариантам эстрогенового рецептора представлены в таблице 2.17 и на рисунке 2.33.

Таблица 2.17 – Частота аллелей и генов эстрогенового рецептора ESR у свиней крупной белой породы.

Хозяйства	Пол	Число голов	Частота гена, %			Частота аллелей	
			AA	AB	BB	A	B
СТЦ «Заднепровский»	хр.основные	51	13,7	45,1	41,2	0,36	0,64
	св-ки основ.	113	31,8	49,6	18,6	0,57	0,43
п/з «Индустрия»	хр.основные	48	50,0	18,8	31,2	0,59	0,41
	с/к «Южный»	13	69,2	15,4	15,4	0,77	0,23
с/к «Заря»	св-ки основ.	31	83,9	6,5	9,6	0,87	0,13
	с/к «Заря»	73	47,9	41,1	11,0	0,68	0,32
ЗАО «Нарцисово»	с/к «Нарцисово»	23	39,1	17,4	43,5	0,48	0,52
	В среднем по породе	352	41,2	35,6	23,2	0,59	0,41

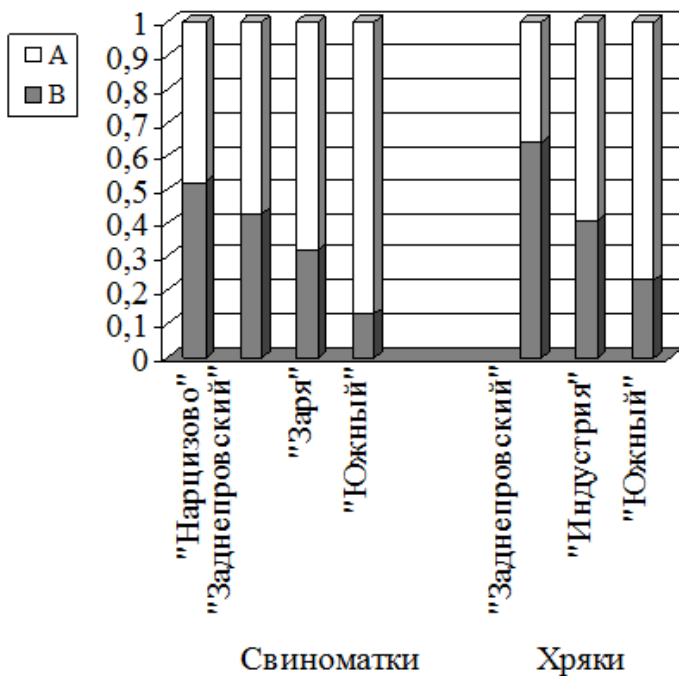


Рисунок 2.33 – Распределение аллелей гена ESR у свиней БКБ породы по хозяйствам.

Как следует из данных таблицы 2.17, частота встречаемости предпочтительного генотипа ВВ у животных в различных хозяйствах варьировала в достаточно широком диапазоне – от 9,6 до 49,6 % у свиноматок с/к «Южный» и СГЦ «Заднепровский», соответственно. В среднем же по породе частота генотипа ВВ составляла 23,2 %, аллеля В – 0,41, то есть находилась на достаточно высоком уровне. Для сравнения, у животных специализированных мясных пород (дюрок, ландрас) генотип ВВ отсутствует.

Исследование влияния генотипа по ESR на продуктивность свиноматок крупной белой породы в условиях ЗАО «Нарцизово» представлено в таблице 2.18.

Таблица 2.18 – Продуктивность свиноматок крупной белой породы в зависимости от генотипа ESR

Генотипы	Многоплодие, гол.	Количество поросят при отъеме, гол.	Масса гнезда при отъеме, кг
AA	9,74±0,25	8,35±0,78	71,58±4,45
AB	10,63±0,63	7,93±1,02	71,30±12,1
BB	11,31±0,21 ^{xxx}	9,45±0,25	73,67±3,32

Здесь и далее; ^{xxx} - разница с генотипом AA достоверна при P<0,001

Исходя из данных таблицы 2.18, свиноматки с генотипом BB превосходили по многоплодию аналогов с генотипом AA на 1,57 поросенка на опорос при достоверной разнице (P<0,001).

Наличие в генотипе свиней аллеля В гена ESR в гетерозиготном состоянии (генотип AB) также выражалось в повышении многоплодия на 0,89 поросенка.

Количество поросят и масса гнезда при отъеме у опытных свиноматок по генотипам существенно не различались и находились в пределах статистической погрешности.

Исследование влияния генотипа по эстрогеновому рецептору на многоплодие свиноматок, проведенное в условиях СГЦ «Заднепровский», подтвердило выявленную тенденцию. Так, многоплодие свиноматок по генотипам было следующим: AA – 11,42 гол; AB – 11,83; BB – 12,81 гол., т. е. в среднем от животных с генотипом BB и AB было получено на 1,39 и 0,41 поросят больше.

Хотя, как известно, плодовитость наследуется со стороны матери, несомненный интерес представляет изучение влияния полиморфизма гена ESR продуктивность по отцовской линии.

Результаты анализа влияния генотипа хряков ESR на многоплодие и продуктивность свиноматок крупной белой породы представлены в таблице 2.19.

Как и следовало ожидать, многоплодие маток и их крупноплодность не имели достоверных различий, поскольку эти показатели наследуются по линии матери.

По массе гнезда в 21 день выявлены положительные достоверные различия (P<0,001) между потомством свиноматок, осемененных хряками с генотипами AB и BB по сравнению с AA на 2,7 и 2,6 кг, или 6,5 и 6,0 %. Также у них отмечена тенденция к увеличению отъемной массы гнезда и сохранности поросят на 2,3 и 1,1; 0,5 и 1,6 %, соответственно, по сравнению с потомством маток, покрытых хряками с geno-

типом АА. Для интегрированной оценки селекционного уровня репродуктивных качеств рассчитывался комплексный показатель воспроизводительных качеств (КПВК).

По генотипам хряков он распределился следующим образом: АА – 102,5; АВ – 104,2; ВВ – 103,4 ед., т.е. выше на 1,7 и 0,9 единиц у генотипов АВ и ВВ по сравнению с АА. Более полный анализ влияния генотипа хряка на воспроизводительный фитнес свиноматок и мясо-откормочную продуктивность потомства представлен в таблице 2.20. Отмечалась устойчивая и достоверная ассоциативная взаимосвязь и рост продуктивности, в том числе и через плейотропный механизм действия генов и на мясо-откормочную продуктивность молодняка.

Механизм влияния генотипа отца по ESR на продуктивность осеменных им свиноматок неизвестен и требует дополнительного изучения. Можно лишь предположить, основываясь на положительной корреляции генотипа хряка и продуктивности маток, что наличие и концентрация аллеля В в геноме хряка повышает его фертильность (эффективность случки) (АА – 67,8 %, АВ – 68,8, ВВ – 69 %) при передаче продуктивных признаков потомству (энергии роста поросят, их крупноплодности, резистентности и сохранности).

Второй этап исследований был проведен через 5 лет, в 2007-2008 гг. Данные генотипического тестирования свиней крупной белой породы по вариантам эстрогенового рецептора представлены в таблице 2.21.

Как следует из данных таблицы, частота встречаемости предпочтительного генотипа ВВ у свиней крупной белой породы в различных хозяйствах варьировала в достаточно широком диапазоне – от 11,0 до 41,2 % у свиноматок с/к «Заря» и РУСПП «Свинокомплекс Борисовский», соответственно. В среднем же по породе частота генотипа ВВ составила 23,2 %, аллеля В – 0,42 %, т.е. находилась на высоком уровне. Различная концентрация аллеля В в геноме свиней по стадам зависит от «породной чистоты» и уровня селекционной работы. В чистопородных заводских стадах она была максимальной (0,52-0,64) и минимальной в товарных стадах, где активно используется межпородное ротационное скрещивание. Следует особо отметить свиноматок с ЗАО «Нарцизово» - 43,5 % с генотипом ВВ, чистопородных животных БКБ породы с племфермы, где авторами более 10 лет осуществлялась селекционная программа.

Таблица 2.19 Влияние генетики хряков по эстрогенному рецептору ESR на воспроизводительные качества свиноматок

Генотипы хряка	Количество опоросов	Многоплодие, гол.	Молочность, кг	Масса поросенка при отъеме, кг	Отъемная масса гнезда, кг	Сохранность, %
AA	756	10,5±0,09	41,8±0,52	17,5±0,02	145,2±1,48	82,4±0,96
AB	494	10,49±0,12	44,5±0,49 ^{NS}	18,1±0,02	148,5±1,92	82,8±1,02
BB	751	10,40±0,01	44,3±0,44 ^{NS}	17,9±0,02	146,8±1,53	83,7±0,82

Таблица 2.20 – Анализ взаимосвязи генотипов хряков по гену ESR с продуктивностью оселевшихся или свиноматок

Показатели	Группы по ER			Средняя
	AA	AB	BB	
% эффективных случек	82,6 ± 3,74	73,67 ± 3,88	75,4 ± 1,99	75,63 ± 2,26
Количество хряков	3	10	6	19
Многоплодие, голов	9,0 ± 0,1	9,21 ± 0,14	9,17 ± 0,2	9,17 ± 0,1
Количество хряков	2	8	6	16
Средняя масса 1 поросенка в 35 дней, кг	8,25 ± 0,05	8,08 ± 0,14	8,3 ± 0,04	8,2 ± 0,07
Количество хряков	2	6	6	14
Откормочные качества потомков:				
Количество хряков	3	4	6	13
Откормлено потомков, голов	27	44	67	138
Возраст достижения 100 кг, дней	183,07 ± 4,6	184,5 ± 0,85	182,57 ± 0,84	183,28 ± 1,03
Затраты корма на 1 ц, к.ед.	3,46 ± 0,1	3,45 ± 0,03	3,41 ± 0,02	3,43 ± 0,02
Среднеуточный прирост, г	745,07 ± 39,16	736,85 ± 8,64	753,65 ± 6,53	746,5 ± 8,79
Длина туши, см	96,6 ± 0,72	97,55 ± 0,23	97,77 ± 0,23	97,43 ± 0,23
Толщина шпика, мм	26,67 ± 0,73	26,8 ± 0,42	26,45 ± 0,34	26,61 ± 0,21
Масса задней трети полутоуши, кг	11,0 ± 0,1	10,95 ± 0,05	10,83 ± 0,05	10,91 ± 0,04
Площадь мышечного глаза, см ²	32,3 ± 0,42	32,43 ± 0,37	32,12 ± 0,39	32,26 ± 0,22
Убойный выход парной туши, %	70,32 ± 0,77	69,26 ± 0,37	69,07 ± 0,21	69,42 ± 0,25
Селекционный индекс	118,5 ± 18,03	118,03 ± 4,66	124,92 ± 4,15	121,32 ± 4,29

Таблица 2.21 Частоты встречаемости аллелей и генотипов гена эстрогенового рецептора (ESR) у свиной белорусской крупной белой породы

Хозяйство	n	Генотипы, %			Частота аллелей		
		AA	AB	BB	A	B	B
Основные свиноматки							
РУСПП «Свинокомплекс Борисовский»	112	25,0	51,8	23,2	0,51	0,49	0,49
РУСП «СПЦ «Заднепровский»	113	31,8	49,6	18,6	0,57	0,43	0,43
ЗАО «Огневское»	68	33,8	51,5	14,7	0,60	0,40	0,40
ЗАО «Нарцисово»	23	39,2	17,4	43,5	0,48	0,52	0,52
ООО «Г.Д. «Ждановичи–Агро»	93	45,2	39,8	15,0	0,65	0,35	0,35
ЗАО «Заря»	73	47,9	41,1	11,0	0,68	0,32	0,32
В среднем	482	37,2	41,9	21,0	0,58	0,42	0,42
Хряки							
РУСП «СПЦ «Заднепровский»	51	13,7	45,1	41,2	0,36	0,64	0,64
РУСП «ПЗ «Индустрия»	48	50,0	18,8	31,2	0,59	0,41	0,41
ЗАО «Южный»	13	69,2	15,4	15,4	0,77	0,23	0,23
РУСПП «Свинокомплекс Борисовский»	48	22,9	50,0	27,1	0,48	0,52	0,52
ЗАО «Прудок»	20	50,0	35,0	15,0	0,68	0,32	0,32
В среднем	180	41,1	32,9	26,0	0,57	0,43	0,43
В среднем по породе	662	39,0	37,8	23,2	0,58	0,42	0,42

У животных специализированных мясных пород (дюрок, эстонская беконная, ландрас) генотип ВВ отсутствует, отмечено лишь наличие гетерозиготного генотипа АВ. Таким образом, подтверждается целесообразность использования эстрогенового рецептора ESR в качестве генетического маркера многоплодия у свиней крупной белой породы. Исследования влияния генотипа ESR на продуктивность свиноматок крупной белой породы проводились в условиях промышленной технологии на предприятиях Республики Беларусь (таблица 2.22.).

Таблица 2.22 – Продуктивность свиноматок крупной белой породы в зависимости от генотипа ESR

Генотипы	n	Многоплодие, голов	Отъем в 35 дней		Сохранность, %
			Количество поросят	Масса гнезда, кг	
ЗАО «Нарцизово»					
АА	9	9,74±0,25	8,35±0,78	71,58±4,45	85,7±2,03
АВ	4	10,63±0,63	7,93±1,02	71,3±12,1	74,6±1,27
ВВ	10	11,31±0,21***	9,45±0,25	73,67±3,32	83,6±1,98
ЗАО «Огневское»					
АА	23	10,11±0,2	8,94±0,18	65,18±1,12	88,4±2,1
АВ	35	10,61±0,18	9,15±0,16	66,75±0,7	86,2±2,83
ВВ	10	11,17±0,44*	9,57±0,2*	69,24±1,25*	85,7±3,0
ООО «Торговый дом «Ждановичи-Агро»»					
АА	42	9,7±0,19	7,9±0,22	60,3±1,52	81,4±2,92
АВ	37	10,3±0,26***	8,42±0,26	62,4±1,85	77,7±3,12
ВВ	15	11,27±0,42***	9,33±0,19***	66,4±1,99*	82,8±1,62
Племферма РУСПП «Свинокомплекс Борисовский»					
АА	24	11,0±0,14	9,76±0,13	77,22±1,91 ^X	88,7±2,12
АВ	49	11,07±0,12	9,78±0,1	77,42±1,37	88,3±3,03
ВВ	21	11,87±0,19***	9,98±0,16	80,17±2,29	84,1±2,2
В среднем по хозяйствам					
АА	98	10,12±0,14	8,64±0,15	66,62±1,16	85,23±1,48
АВ	125	10,7±0,11**	9,14±0,11**	69,79±1,03*	84,14±1,74
ВВ	56	11,48±0,16***	9,64±0,1***	73,37±1,4***	83,95±1,11

*Примечание здесь и далее: разница с генотипом АА достоверна при * - $p < 0,05$; ** - $p < 0,01$; *** - $p < 0,001$.*

Анализ данных таблицы 2.22 показывает, что свиноматки с геноти-

пом ВВ превосходят по многоплодию аналогов с генотипом АА на 0,87-1,57 поросенка на опорос при достоверной разнице ($p < 0,05$; $p < 0,001$). Наличие в генотипе свиней аллеля В в гетерозиготном состоянии (АВ) также выражается в устойчивой тенденции повышения многоплодия – на 0,5-0,89 поросят ($p < 0,01$). Отъемная масса гнезда у свиноматок-носителей гена ВВ, выше, чем у их аналогов с генотипом АА, на 2,09-6,1 кг ($p < 0,05$). В среднем по хозяйствам, отмечено достоверное превосходство свиноматок с генотипом ВВ над аналогами с генотипом АА: по многоплодию – на 13,4 % ($p < 0,001$); количеству поросят к отъему – на 11,6 % ($p < 0,001$); массе гнезда – на 10,1 % ($p < 0,001$). Отмечено также статистически достоверное повышение показателей продуктивности у свиноматок, несущих генотип АВ, по сравнению с животными с генотипом АА.

Достоверных различий изменения сохранности в относительном выражении (% сохранности) не было в силу отрицательного влияния корреляционных взаимосвязей с многоплодием.

Установлено достоверное влияние наличия аллеля В в геноме свиноматок на их воспроизводительные качества: повышение эффективности осеменения на 5-7 % ($p < 0,01$), снижение абортос и количества мертворожденных поросят на 25-10 % ($p < 0,001$). Отмечалось положительное влияние полиморфизма в геноме хряка (генотипы АВ и ВВ) на качество его спермопродукции, эффективность ее использования и продуктивность осемененных маток.

Как известно, плодовитость наследуется (проявляется в I поколении) со стороны матери. Механизм влияния генотипа отца по ESR на продуктивность свиноматок пока не совсем ясен и требует дополнительного изучения. Однако на данном этапе исследований в селекционной работе следует учитывать генотип хряков.

Для определения оптимальных вариантов подбора генотипов изучалось 9 сочетаний матерей (119 голов) и отцов (48 голов) по ESR (таблица 2.23) в условиях племфермы РУСПП «Свинокомплекс Борисовский». Отмечено, что хряки, несущие генотип ВВ, оказывают положительное влияние на продуктивность покрытых ими маток, сопоставимое с влиянием аналогичного материнского генотипа (рисунок 2.34). Наиболее высокое многоплодие (13 поросят) отмечено у родителей с сочетанием генотипов ВВ х ВВ.

Таблица 2.23 – Продуктивность свиноматок крупной белой породы в зависимости от сочетаний генотипов по ESR

Генотип (мать х отец)	Опоро-ров	Много-плодие, гол	Отъем в 45 дней		Сохран-ность, %
			Кол-во поро-сят, голов	Масса гнезда, кг	
AA-AA	10	10,2±0,2	9,3±0,26	78,0±4,23	91,2±3,6
AA-AB	7	11,0±0,31	9,57±0,3	74,43±3,72	87,0±3,03
AA-BB	9	11,44±0,24	10,0±0,33	82,44±3,65	87,4±2,32
В среднем	26	10,85±0,17	9,62±0,18	78,58±2,29	88,5±2,98
BB-BB	3	13,0±0,58	9,67±0,88	72,67±12,67	74,4±2,12
BB-AB	12	11,67±0,36	9,5±0,31	77,92±4,36	81,4±3,22
BB-AA	5	11,4±0,4	10,0±0,55	84,8±7,53	87,7±2,86
В среднем	20	11,8±0,27**	9,65±0,25	78,85±3,59	81,2±2,73
AB-AA	11	10,55±0,34	10,0±0,19	80,27±3,12	94,8±2,7
AB-AB	16	11,25±0,25	9,81±0,2	79,31±2,96	87,2±2,85
AB-BB	11	11,45±0,31	9,91±0,28	80,36±3,56	86,6±3,12
В среднем	38	11,11±0,18	9,89±0,13	79,89±1,8	89,5±2,89

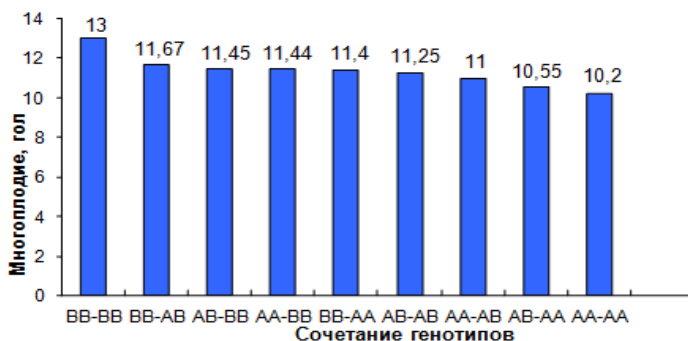


Рисунок 2.34 – Продуктивность свиноматок крупной белой породы в зависимости от сочетаний генотипов по ESR

По результатам наших исследований предлагается примерная схема подбора по повышению многоплодия свиноматок крупной белой породы (рисунок 2.35).

Таким образом, приведенные в настоящей работе данные свидетельствуют о положительном влиянии аллеля В гена ESR на многоплодие свиноматок белорусской популяции свиней крупной белой породы. Использование анализа ПЦР-ПДРФ и метода подбора желательных генотипов позволяет значительно (на 0,5-1,57 поросенка) повысить продуктивность свиноматок крупной белой породы.

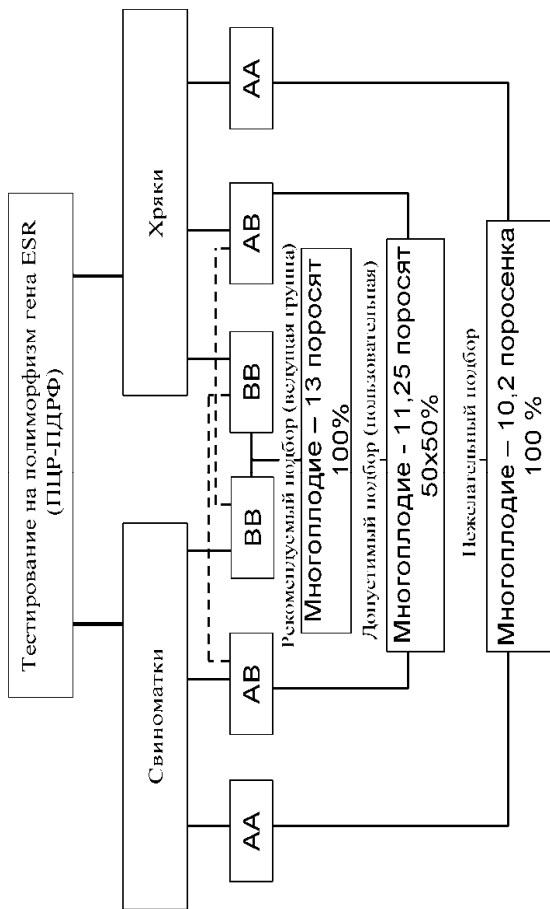


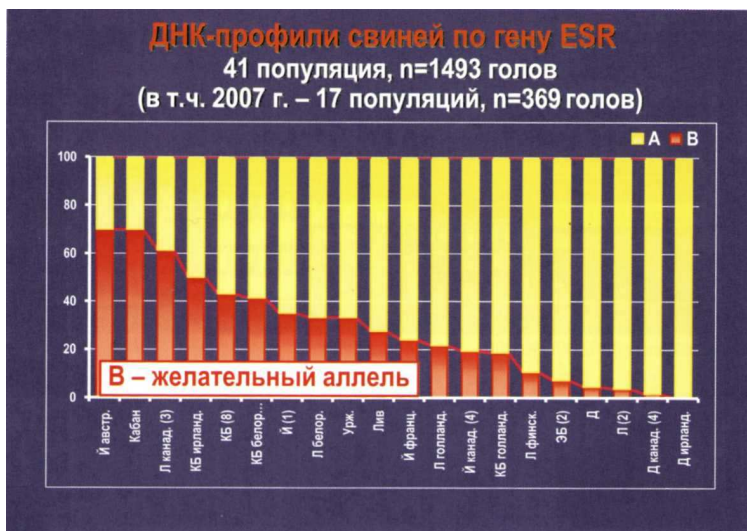
Схема исследований и подбора по методу селекции на повышение многоплодия.

Рисунок 2.35 – Схема подбора по повышению многоплодия свиноматок крупной белой породы

Исходя из вышеизложенного, можно рекомендовать данный генетический маркер в качестве дополнительного критерия в селекционных программах, направленных на повышение многоплодия.

Использование анализа ПЦР-ПДРФ и метода подбора желательных генотипов позволяет значительно (на 0,5-1,57 поросенка) повысить продуктивность свиноматок крупной белой породы. Исходя из вышеизложенного, можно рекомендовать данный генетический маркер в качестве дополнительного критерия в селекционных программах, направленных на повышение многоплодия.

Сравнительный анализ частотности встречаемости аллелей гена ESR у свиней основных мировых пород, проведенный учеными ВИЖ, показал, что животные БКБ породы имели сопоставимый генетический профиль с лучшими мировыми аналогами (рисунок 2.36). Благодаря активной работе по оценке и отбору предпочтительных по генотипам животных (ВВи ВА) удалось сдвинуть частотность аллеля В в популяции с 0,15 до 0,41.



Л - ландрас, И - йоркшир, Д - дюрок, П - пьетрен, ЛИВ - ливенская, УРЖ - уржумская, БМ - белорусская мясная, БКБ – белорусская крупная белая, ЭБ - эстонская беконная, БЧП - белорусская черно-пестрая, КЧ- крупная черная. В скобках после наименования породы указано число исследованных популяций свиней соответствующей породы.

Рисунок 2.36 – Частоты встречаемости аллелей гена ESR у свиней

Однако существует ещё резерв повышения многоплодия с выходом на оптимальный или модельный генетический профиль с частотой аллеля В до 70 %. В заводских стадах БКБ породы не должно быть животных с генотипом АА по эстрогеновому гену-рецептору ESR. Оптимальная численность хряков и маток с генотипом ВВ не менее 60 % и 40% с генотипом ВА, что в целом обеспечит генетическую детерминацию высокой плодовитости стада с многоплодием 12,5-13 поросят.

2.7.3.2. Оценка эффективности использования эритропоэтинового рецептора (EPOR) как маркера репродуктивных признаков свиней

Репродуктивные признаки у свиноматок, особенно многоплодие и сохранность поросят, являются наиболее важными экономическими показателями в свиноводстве. Надо отметить, что прямая селекция свиней на плодовитость характеризуется малой эффективностью из-за низкой наследуемости признака ($h=0,1-0,3$).

В настоящее время в лаборатории генетики ВИЖ (Россия) освоена методика генетического анализа на характер полиморфизма гена эритропоэтинового рецептора (EPOR), влияющего на многоплодие свиноматок. В наших исследованиях [1-А, с. 38-48; 4-А, с. 111-114; 6-А, 78-79; 8-А, с. 78-82; 9-А; 10-А, с. 82-85; 11-А, с. 56-57; 13-А, 17-А, 72-А; 80-А, с. 5-8; 97-А] в данном гене выявлен полиморфизм у отечественных пород свиней, следствием которого является точковая мутация $T \rightarrow C$. Для обнаружения аллеля $EPOR^T$ в интроне 4 гена рецептора эритропоэтина свиней (EPOR) учеными лаборатории молекулярной генетики ВИЖ [55, с. 73-74] был разработан и апробирован анализ генотипирования по данному гену. Согласно их исследованиям, наличие аллеля $EPOR^T$ в гене EPOR ассоциативно связано с увеличением внутриутробной вместимости у свиноматок и оказывает, соответственно, влияние на выживаемость эмбрионов. Было установлено, что у гомозиготных особей $EPOR^{TT}$, по сравнению с $EPOR^{CC}$, размер гнезда увеличен на 2,6 поросенка, тогда как эффект генотипа $EPOR^{CT}$ был не так значителен. Эти результаты указывают на связь наличия разных аллеломорфов гена EPOR у свиноматки с размером её гнезда.

При исследовании ядерной ДНК свиней белорусской мясной (СПЦ «Заднепровский») и белорусской крупной белой (ГПЗ «Порплище») пород был изучен полиморфизм гена EPOR, обусловленный наличием двух аллелей: $EPOR^C$ – без мутации, $EPOR^T$ – с точковой мутацией. Идентифицированы генотипы свиноматок: $EPOR^{TT}$ – гомозиготы по мутантному аллелю, $EPOR^{CT}$ – носители мутантного аллеля и $EPOR^{CC}$

– гомозиготы без мутантного аллеля. Среди свиноматок белорусской крупной белой породы гомозиготного генотипа EPOR^{TT} выявлено не было. Частоты аллелей и генотипов среди свиней исследуемых пород представлены в таблице 2.24.

Таблица 2.24 – Генетическая структура белорусской мясной и белорусской крупной белой пород по гену EPOR

Порода	n	Распределение	Частоты встречаемости генотипов, %	Частоты встречаемости аллелей	χ^2
БМП	105	Ф	ТТ – 28,6 СТ – 53,3 СС – 18,1	Т – 0,55 С – 0,45	0,64
		О	ТТ – 30,2 СТ – 49,5 СС – 20,3		
БКБП	31	Ф	СТ – 48,4 СС – 51,6	Т – 0,24 С – 0,76	3,20
		О	ТТ – 5,70 СТ – 36,5 СС – 57,8		

Здесь и далее: Ф – фактическое количество особей данного генотипа, полученное в опыте; О – теоретически ожидаемое количество особей данного генотипа, которое будет соответствовать частоте аллеля в породе.

По локусу гена EPOR в исследованной группе свиней белорусской мясной породы более половины свиней (53,3 %) имели гетерозиготный генотип EPOR^{CT}. Установлена относительно высокая частота встречаемости нежелательного, гомозиготного генотипа EPOR^{CC} – 18,1 %. Среди животных белорусской крупной белой породы гомозиготного генотипа EPOR^{TT}, отвечающего за высокое многоплодие, выявлено не было, что согласуется с результатами, полученными российскими учеными по выявлению характера полиморфизма среди свиней крупной белой породы заволжского типа. Частота встречаемости аллеля EPOR^T составила 0,55, EPOR^C – 0,45, а среди животных белорусской крупной белой породы – 0,24 и 0,76, соответственно.

Несмотря на преобладание гетерозиготных особей среди исследуемых пород и отсутствие генотипа EPOR^{TT} среди свиней белорусской крупной белой породы генетическое равновесие не было нарушено. Колебания «критерия соответствия» Пирсона (χ^2) находятся в пределах допустимых норм, позволяющих утверждать, что полученные результаты (фактическое распределение частот генотипов) соответствуют

нулевой теории, то есть совпадают с теоретическими (ожидаемыми) частотами без учета целенаправленного отбора по данному гену.

По результатам анализа выявленных полиморфных вариантов гена EPOR на репродуктивные качества свиноматок подопытных групп белорусской мясной породы, разводимой в РСУП «СГЦ «Заднепровский», был установлен рост анализируемых показателей репродуктивных качеств среди животных, гомозиготных по аллелю EPOR^T (таблица 2.25). Свиноматки с генотипами EPOR^{TT} и EPOR^{CT} достоверно ($P < 0,05$) превосходили свиноматок с генотипом EPOR^{CC} по количеству живых поросят при рождении на 1,6 головы в первом случае и на 1,4 гол. во втором.

Таблица 2.25 – Репродуктивные качества свиноматок заводской популяции белорусской мясной породы (СГЦ «Заднепровский») в зависимости от генотипа по гену EPOR

Показатели	Генотипы		
	EPOR ^{TT}	EPOR ^{CT}	EPOR ^{CC}
Количество голов	12	12	12
Родилось поросят всего, гол.	12,7±0,50	12,8±0,50	12,1±0,45
В том числе живых, гол.	12,4±0,51*	12,2±0,47*	10,8±0,29
Масса гнезда при рождении, кг	18,3±1,08	19,3±0,86*	15,4±0,98
Масса поросенка при рождении, кг	1,5±0,05	1,6±0,04	1,4±0,06
Количество поросят в 21 день, гол.	9,9±0,25	9,9±0,14	9,3±0,30
Молочность, кг	56,4±1,75	56,5±1,75	53,0±2,03
Масса поросенка в 21 день, кг	5,7±0,11	5,7±0,14	5,7±0,17
Количество поросят при отъеме, гол.	9,9±0,25*	9,9±0,14*	9,2±0,27
Масса гнезда при отъеме в 35 дней, кг	94,9±3,31	96,9±3,10	88,6±3,41
Масса поросенка при отъеме, кг	9,6±0,27	9,7±0,22	9,6±0,27
Сохранность поросят, %	87,2±2,58	87,1±1,55	85,7±2,46

В ходе исследований было также выявлена тенденция к повышению сохранности поросят, полученных от маток с желательными генотипами (EPOR^{TT} и EPOR^{CT}), по сравнению с генотипом EPOR^{CC} – на 1,5 и 1,4 проц. пункта, соответственно. Таким образом, можно сделать заключение, что аллель EPOR^T оказывает положительное влияние на репродуктивные качества свиноматок.

Однако поскольку результаты анализа опытных групп могут и не отражать процессы, происходящие в популяции в целом, мы исследовали ассоциацию полиморфных вариантов гена EPOR с продуктивностью маток по 133 опоросам свиноматок белорусской мясной породы и по 63 опоросам свиноматок белорусской крупной белой породы.

Свиноматки (таблица 2.26), несущие в своем генотипе только желательный аллель EPOR^T, достоверно превосходили ($P<0,01$) свиноматок с генотипом EPOR^{CC} по количеству живых поросят при рождении на 1,3 гол., или на 10,5 %, а среди генотипов EPOR^{CT} и EPOR^{CC} данная разница составила в 1 гол. ($P<0,01$), или 8,3 %, соответственно. Также наблюдалась тенденция положительного влияния предпочтительного генотипа EPOR^{TT} на такие показатели, как: масса гнезда при рождении – она была выше, чем у маток EPOR^{CC} на 2,1 кг, или на 11,5 %; количество поросят в 21 день – выше на 0,6 гол. ($P<0,05$), или на 5,9 %; молочность – на 2,1 кг, или на 3,7 %; количество поросят к отъему – на 0,6 гол., или на 5,9 %. Сохранность молодняка к отъему у маток EPOR^{TT} была также выше на 2,9 процентных пункта по сравнению с животными, несущими генотип EPOR^{CC}. Положительная динамика анализируемых показателей наблюдалась и среди свиноматок с гетерозиготным генотипом EPOR^{CT}.

Таблица 2.26 – Продуктивность свиноматок заводской популяции белорусской мясной породы (СГЦ «Заднепровский») в зависимости от генотипа по гену EPOR

Показатели	Генотипы		
	EPOR ^{TT}	EPOR ^{CT}	EPOR ^{CC}
Количество опоросов	31	85	17
Родилось поросят всего, гол.	12,8±0,32	12,5±0,20	12,2±0,35
В том числе живых, гол.	12,4±0,29**	12,1±0,18**	11,1±0,28
Масса гнезда при рождении, кг	18,2±0,54	18,0±0,34	16,1±0,79
Масса поросенка при рождении, кг	1,5±0,03	1,5±0,02	1,4±0,05
Количество поросят в 21 день, гол.	10,1±0,12*	10,1±0,09*	9,5±0,24
Молочность, кг	56,5±1,08	54,9±0,72	54,4±1,61
Масса поросенка в 21 день, кг	5,6±0,08	5,5±0,06	5,7±0,12
Количество поросят при отъеме, гол.	10,1±0,12*	10,0±0,09*	9,4±0,22
Масса гнезда при отъеме в 35 дней, кг	94,0±2,05	91,0±1,52	90,3±2,68
Масса поросенка при отъеме, кг	9,3±0,18	9,1±0,13	9,6±0,28
Сохранность поросят, %	88,5±1,35	88,5±0,85	85,6±2,12

Что касается свиноматок белорусской крупной белой породы (таблица 2.27), нами была установлена тенденция к повышению у животных, которые несут в своем генотипе два аллеля EPOR^C и EPOR^T, количества поросят при рождении – на 0,7 гол., в том числе живорожденных – на 0,6 гол., в сравнении с генотипом EPOR^{CC}.

Таблица 2.27 – Продуктивность свиноматок заводской популяции белорусской крупной белой породы (ПЗ «Порплище») в зависимости от генотипа по гену EPOR

Показатели	Генотипы EPOR	
	EPOR ^{CT}	EPOR ^{CC}
Количество опоросов	39	24
Родилось поросят всего, гол.	11,5±0,30	10,8±0,32
В том числе живых, гол.	11,4±0,30	10,8±0,32
Масса гнезда при рождении, кг	12,2±0,31	11,6±0,31
Масса поросенка при рождении, кг	1,0±0,006	1,0±0,008
Количество поросят в 21 день, гол.	9,6±0,22	9,2±0,30
Молочность, кг	48,2±1,29	47,6±1,73
Масса поросенка в 21 день, кг	5,0±0,09	5,2±0,12
Количество поросят при отъеме, гол.	9,1±0,29	8,5±0,31
Масса гнезда при отъеме в 35 дней, кг	136,8±5,01	132,8±5,74
Масса поросенка при отъеме, кг	15,1±0,33	15,5±0,46
Сохранность поросят, %	82,4±2,21	79,9±2,75

При этом масса гнезда у свиноматок с генотипом EPOR^{CT} при рождении, на 21 день подсосного периода и при отъеме была выше на 0,6, 0,6 и 4,0 кг, соответственно, а сохранность поросят к отъему – на 2,5 проц. пункта.

Для установления влияния аллеля EPOR^T на размер гнезда нами был проведен сравнительный анализ репродуктивных качеств свиноматок белорусской мясной породы, разводимых в условиях РСУП «СГЦ «Заднепровский» Оршанского района Витебской области, как с нежелательным гомозиготным проявлением эритропоэтинового рецептора (EPOR^{CC}), так и с наличием в генотипе желательного аллеля EPOR^T. У свиноматок, имеющих в генотипе аллель EPOR^T, количество живых поросят при рождении, а так же на 21 день подсосного периода

и при отъеме было достоверно больше, соответственно, на 1,1 ($P<0,01$), 0,6 ($P<0,05$) и 0,6 ($P<0,05$) гол., или на 9,0, 5,9 и 6,0 %, по сравнению с гомозиготными матками EPOR^{CC}.

Так как многоплодие, как репродуктивный признак, в значительной степени зависит от возраста свиноматки, нами дополнительно было исследовано влияние генотипов на многоплодие маток в зависимости от их возраста [17-А; 80-А, с. 5-6].

В ходе анализа репродуктивных качеств первоопоросок белорусской мясной породы (таблицы 2.28) была выявлена тенденция к превосходству по количеству живорожденных поросят у маток генотипов EPOR^{TT} и EPOR^{CT} над животными генотипа EPOR^{CC} на 0,7 гол., или на 6,0 %, и на 0,1 гол., или на 0,9 %, соответственно.

Таблица 2.28 – Влияние наличия в генотипе аллеля Т гена EPOR на репродуктивные качества свиноматок белорусской мясной породы

Показатели	Генотипы	
	EPOR ^{TT} +EPOR ^{CT}	EPOR ^{CC}
Количество свиноматок, гол.	116	17
Родилось поросят всего, гол.	12,6±0,17	12,2±0,35
В том числе живых, гол.	12,2±0,15**	11,1±0,28
Масса гнезда при рождении, кг	18,1±0,29*	16,1±0,79
Масса поросенка при рождении, кг	1,4±0,01	1,4±0,05
Количество поросят в 21 день, гол.	10,1±0,07*	9,5±0,24
Молочность, кг	55,4±0,60	54,5±1,61
Масса поросенка в 21 день, кг	5,5±0,05	5,7±0,12
Количество поросят при отъеме, гол.	10,0±0,07*	9,4±0,22
Масса гнезда при отъеме в 35 дней, кг	91,8±1,24	90,3±2,68
Масса поросенка при отъеме, кг	9,1±0,10	9,5±0,28
Сохранность поросят, %	88,5±0,71	85,6±2,12

У свиноматок с двумя и более опоросами (таблицы 2.29) генотипов EPOR^{TT} и EPOR^{CT} количество живых поросят при рождении было достоверно ($P<0,01$) больше, соответственно, на 1,5 и 1,4 гол., чем у свиноматок с генотипом EPOR^{CC}. Масса гнезда при рождении у животных генотипа EPOR^{TT} была выше на 2,4 кг ($P<0,05$), а у генотипа EPOR^{CT} –

Таблица 2.29 Влияние полиморфизма гена EPOR на репродуктивные качества свиноматок белорусской мясной породы в зависимости от их возраста

Показатели	Первопороски			С двумя и более опоросами		
	EPOR ^{TT}	EPOR ^{CT}	EPOR ^{CC}	EPOR ^{TT}	EPOR ^{CT}	EPOR ^{CC}
Количество опоросов	8	22	3	23	63	14
Родилось поросят всего, гол.	11,9±0,39	11,5±0,26	12,6±0,66	13,1±0,39	12,8±0,24	12,1±0,41
В том числе живых, гол.	11,7±0,41	11,1±0,23	11,0±1,00	12,6±0,36**	12,5±0,22**	11,1±0,29
Масса гнезда при рождении, кг	17,6±0,85	15,8±0,41	16,6±3,31	18,4±0,67*	18,8±0,40**	16,0±0,76
Масса поросенка при рождении, кг	1,5±0,06	1,4±0,04	1,5±0,19	1,5±0,03	1,5±0,02	1,4±0,05
Количество поросят в 21 день, гол.	10,1±0,12	10,1±0,15	9,6±0,88	10,1±0,16	10,1±0,11	9,5±0,25
Молочность, кг	53,1±1,25	41,1±3,84	53,3±6,88	57,7±1,31	56,2±0,83	54,7±1,51
Масса поросенка в 21 день, кг	5,2±0,10	5,1±0,12	5,5±0,37	5,7±0,09	5,6±0,06	5,7±0,13
Количество поросят при отъеме, гол.	10,1±0,12	10,0±0,16	9,3±0,66	10,1±0,16	10,0±0,10	9,5±0,25
Масса гнезда при отъеме (35 дн.), кг	88,3±3,21	82,4±3,08	79,8±8,81	96,0±2,43	94,1±1,59	92,6±2,44
Масса поросенка при отъеме, кг	8,7±0,27	8,2±0,25	8,5±0,67	9,5±0,21	9,4±0,13	9,8±0,28
Сохранность поросят, %	89,4±2,59	90,9±1,72*	85,2±1,85	88,2±1,61	87,6±0,96	85,7±2,57

на 2,8 кг ($P < 0,01$), соответственно, чем у маток $EPOR^{CC}$. По крупноплодности между различными генотипами достоверных различий выявлено не было.

Установлена положительная тенденция по влиянию генотипа $EPOR^{TT}$ на такие взаимосвязанные показатели репродуктивных качеств свиноматок, как количество и масса поросят в гнезде на 21 день подсосного периода. Свиноматки с генотипом $EPOR^{CC}$ уступали маткам с генотипами $EPOR^{TT}$ и $EPOR^{CT}$ по данному показателю на 5,9 %, либо на 0,6 поросенка. По первому опоросу превышение между аналогичными генотипами составило 0,5 гол., или 4,9 %. Масса гнезда на 21 день подсосного периода у маток с двумя и более опоросами генотипа $EPOR^{TT}$ была выше в сравнении с гнездами животных с генотипом $EPOR^{CC}$ на 3,0 кг, или на 5,2 %; между гнездами гетерозиготных ($EPOR^{CT}$) и гомозиготных ($EPOR^{CC}$) свиноматок – на 1,5 кг, или на 2,6%, соответственно. По количеству поросят к отъему у первоопоросок превосходство свиноматок с генотипами $EPOR^{TT}$ и $EPOR^{CT}$ над гомозиготными животными $EPOR^{CC}$ составило 7,9 %, или 0,8 поросенка, и 7 %, или 0,7 поросенка, а среди свиноматок с двумя и более опоросами – 0,6 % и 0,5 поросенка, соответственно.

Было также выявлено положительное влияние аллеля $EPOR^T$ на сохранность поросят за подсосный период. Свиноматки с генотипами $EPOR^{TT}$ и $EPOR^{CT}$ по первому опоросу имели сохранность поросят на 4,2 и 5,7 ($P < 0,05$) проц. пункта больше в сравнении с генотипом $EPOR^{CC}$, с двумя и более опоросами – на 2,5 и 1,9 проц. пункта, соответственно. В ходе анализа влияния генотипа по гену $EPOR$ на многоплодие свиноматок белорусской крупной белой породы с учетом возраста животных, также была выявлена положительная тенденция в росте исследуемых показателей у особей, несущих в своем геноме желательный аллель $EPOR^T$ (таблица 2.30). Свиноматки по первому опоросу с генотипом $EPOR^{CT}$ превосходили по количеству живорожденных поросят генотип $EPOR^{CC}$ на 0,7 головы, или на 6,3 %, а матки с двумя и более опоросами – на 0,3 головы, или на 2,6 %. В то же время, по отдельным репродуктивным качествам у первоопоросок отмечалась и обратная тенденция, то есть животные с генотипом $EPOR^{CC}$ имели незначительное превосходство по количеству поросят к отъему, массе гнезда при отъеме и сохранности молодняка к отъему. Однако среди свиноматок с двумя и более опоросами генотип $EPOR^{CC}$ по этим же показателям уступал генотипу $EPOR^{CT}$. По-видимому, отрицательные результаты по отдельным показателям среди первоопоросок с генотипом $EPOR^{CT}$ связаны с недостаточной большой выборкой генотипов, что в данном случае не дает возможность установить объективное

Таблица 2.30 Влияние полиморфизма гена EPOR на репродуктивные качества свиноматок белорусской крупной белой породы в зависимости от их возраста

Показатели	Первопопороки			С двумя и более опоросами	
	EPOR ^{CT}	EPOR ^{CC}	EPOR ^{CT}	EPOR ^{CT}	EPOR ^{CC}
Количество опоросов	5	11	34		13
Родилось поросят всего, гол.	11,0±0,63	10,3±0,38	11,6±0,33		11,2±0,48
В том числе живых, гол.	11,0±0,63	10,3±0,38	11,5±0,33		11,2±0,48
Масса гнезда при рождении, кг	11,8±0,58	11,1±0,36	12,3±0,35		12,0±0,46
Масса поросенка при рождении, кг	1,1±0,01	1,1±0,01	1,06±0,007		1,07±0,01
Количество поросят в 21 день, гол.	9,4±0,81	9,1±0,49	9,7±0,23		9,3±0,39
Молочность, кг	42,6±3,89	46,1±2,50	49,1±1,33		49,0±2,42
Масса поросенка в 21 день, кг	4,5±0,17	5,1±0,16	5,1±0,10		5,2±0,19
Количество поросят при отъеме, гол.	8,2±1,15	8,3±0,47	9,2±0,29		8,6±0,43
Масса гнезда при отъеме (60 дн.), кг	116,4±17,80	128,8±8,65	139,8±5,03		136,2±7,87
Масса поросенка при отъеме, кг	14,1±0,28	15,2±0,64	15,2±0,37		15,8±0,69
Сохранность поросят, %	75,6±11,07	81,6±4,06	83,4±2,01		78,5±3,84

влияние полиморфных вариантов гена EPOR на репродуктивные качества первоопоросок.

С целью прогнозирования и повышения многоплодия свиноматок в схемах подбора необходимо использовать родительские формы с желательными генотипами по данному гену, для чего следует проводить тестирование методом ПЦР-ПДРФ на полиморфизм гена EPOR, выявлять хряков и маток с генотипами EPOR^{TT} и EPOR^{CT}, проводить их подбор и использовать в воспроизводстве, исключая при этом из селекционного процесса родительские пары с сочетанием генотипов EPOR^{CC} x EPOR^{CC} и, по возможности, ограничивая сочетания EPOR^{CT} x EPOR^{CC} и EPOR^{CC} x EPOR^{CT} (рисунок 2.37).

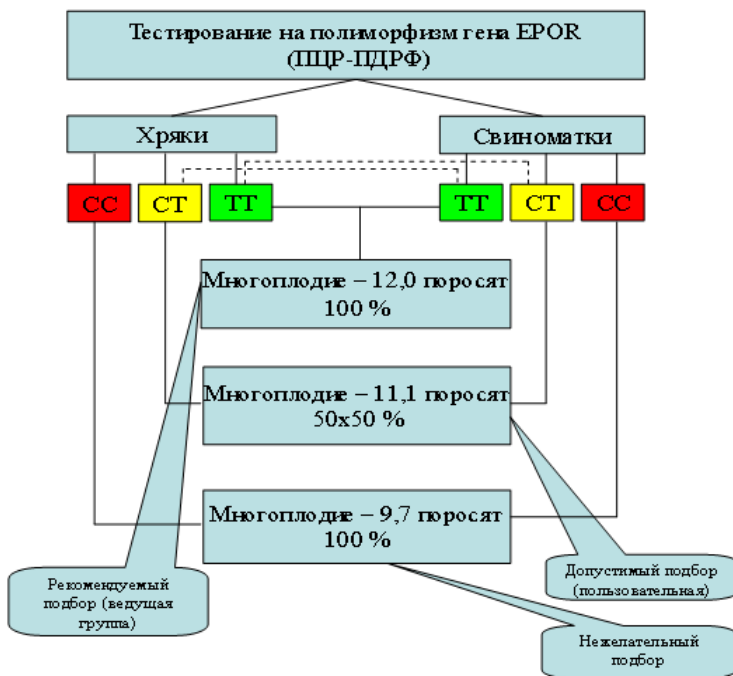


Рисунок 2.37 – Способ повышения многоплодия путем использования в схемах подбора свиней желательных генотипов по гену EPOR

Метод осуществляется следующим образом: в качестве исходного материала отбираются пробы генетического материала из ушной раковины свиней. Из образцов выделяется ДНК для последующего анализа

полиморфизма гена EPOR методом ПЦР-ПДРФ. При анализе полиморфизма определяются генотипы (EPOR^{CC}; EPOR^{CT}; EPOR^{TT}). При этом производится отбор ремонтного молодняка, хряков и маток с предпочтительными генотипами. Эти животные используются в селекционной программе по повышению многоплодия и являются резервной (ведущей) частью популяций с последующим активным использованием в разведении.

Способ селекции на повышение многоплодия с использованием метода ПЦР-ПДРФ позволит значительно (на 19,1 %) повысить количество живых поросят при рождении, а массу гнезда на 14,2 %, соответственно.

2.7.3.2.1. Плейотропное действие гена EPOR

Любой ген, как структурная единица генома, сцеплен с множеством других генов и в связи с этим имеет косвенную связь не с одним каким-то фенотипическим проявлением организма, а с комплексом признаков.

В связи с этим нами был дополнительно проведен анализ ассоциаций разных генотипов по гену EPOR с рядом продуктивных признаков свиней белорусской крупной белой и белорусской мясной пород.

В ходе проведенных исследований нами было проанализировано влияние различных генотипов по гену EPOR на собственную продуктивность свиноматок белорусской мясной породы, разводимой в условиях РСУП «СГЦ «Заднепровский». Результаты анализа представлены в таблице 2.31.

Таблица 2.31 – Влияние полиморфизма гена EPOR на развитие свиноматок

Генотип	n	Скороспелость, дн.	Длина туловища, см	Толщина шпика, мм	Среднесуточный прирост, г
EPOR ^{TT}	88	187±2,3	124,7±0,56	23,2±0,64	530,9±7,12
EPOR ^{CT}	44	185±1,7	124,4±0,34	23,2±0,35	536,1±4,84
EPOR ^{CC}	22	189±2,7	123,5±0,87	23,5±0,58	523,1±7,53

Результаты анализа влияния полиморфизма гена EPOR на признаки, характеризующие развитие свиноматок белорусской мясной породы, позволяют сделать вывод, что гомозиготные (EPOR^{TT}) и гетерозиготные (EPOR^{CT}) особи отличаются более высокими продуктивными показателями по сравнению с генотипом EPOR^{CC}. Так, свиноматки

указанных генотипов достигали 100 кг живой массы на 2-4 дня раньше свиноматок с генотипом EPOR^{CC}, по среднесуточному приросту превосходство составило 7,8-13,0 г, по длине туловища – 1,2-0,9 см, а по толщине шпика уступали на 0,3 мм, соответственно.

Дополнительно были проведены исследования по изучению влияния генотипа хряков белорусской мясной и белорусской крупной белой пород по гену EPOR на детерминирующий признак – многоплодие свиноматок. В данном случае генотип свиноматок по гену эритропоэтинового рецептора не учитывался (таблицы 2.32-2.33).

Таблица 2.32 – Многоплодие свиноматок белорусской мясной породы, осемененных спермой хряков-производителей различных генотипов по гену EPOR

Показатели	Генотипы хряков		
	EPOR ^{TT}	EPOR ^{CT}	EPOR ^{CC}
Количество опоросов	38	35	28
Всего родившихся поросят, гол.	11,6±0,38	11,5±0,36	11,4±0,43
Живых поросят при рождении, гол.	11,1±0,39	10,7±0,35	11,1±0,42
Крупноплодность, кг	1,5±0,05	1,6±0,04	1,5±0,04
Масса гнезда при рождении, кг	16,6±0,70	17,1±0,69	16,6±0,64

Таблица 2.33 – Многоплодие свиноматок белорусской крупной белой породы, осемененных спермой хряков-производителей различных генотипов по гену EPOR

Показатели	Генотипы хряков	
	EPOR ^{CT}	EPOR ^{CC}
Количество опоросов	22	3
Всего родившихся поросят, гол.	12,1±0,47	11,3±1,45
Живых поросят при рождении, гол.	12,1±0,47	11,3±1,45
Крупноплодность, кг	1,07±0,007	1,09±0,01
Масса гнезда при рождении, кг	12,9±0,45	12,3±1,45

Как и ожидалось, генотипы хряков по исследуемому гену не оказывали достоверного влияния на многоплодие свиноматок, массу поросят и массу гнезда при рождении.

Полученный результат согласуется с результатами исследований по влиянию характера полиморфизма гена эритропоэтинового рецептора

на продуктивность свиней, полученными российскими учеными [53, с. 68-70; 55, с. 73-74].

Была также изучена степень влияния гена EPOR на качество спермопродукции (таблица 2.34) и воспроизводительную способность (таблица 2.35) хряков-производителей белорусской мясной породы, разводимой в РСУП СГЦ «Заднепровский».

Таблица 2.34 – Показатели спермопродукции хряков-производителей белорусской мясной породы различных генотипов по гену EPOR

Показатели	Генотип		
	EPOR ^{TT}	EPOR ^{CT}	EPOR ^{CC}
Количество животных	8	12	7
Объем эякулята, мл	172,2±20,82	177,9±10,05	189,7±13,09
Густота, баллы	8,0±0,02	7,9±0,09	8,0±0,02
Концентрация спермиев, млн./мл	335,7±3,94	333,7±2,34	335,5±2,78
Выживаемость спермиев, час	178,8±5,89	169,7±9,96	188,0±5,85

Таблица 2.35 – Оплодотворяющая способность хряков-производителей белорусской мясной породы различных генотипов по гену EPOR

Генотип	Осемено-маток, гол.	Выбыло су-поростных, гол.	Абортиро-вало, гол.	Опоро-силось, гол.	Оплодо-творяе-мость, %
EPOR ^{TT}	347	1	17	293	89,4±1,07
EPOR ^{CT}	484	8	30	394	90,2±1,56
EPOR ^{CC}	291	3	12	244	89,2±2,62

Было установлено, что хряки-производители белорусской мясной породы с генотипом EPOR^{CC} имели эякулят несколько большего объема и превосходили животных с генотипами EPOR^{CT} и EPOR^{TT} на 11,8 и 17,5 мл; по выживаемости спермиев превышение составило 18,3 и 9,2 часов, соответственно. В то же время, хряки с генотипами EPOR^{TT} имели несколько большую концентрацию спермиев в 1 мл по сравнению с хряками с гомозиготным генотипом по аллелю EPOR^C – на 200 тыс. спермиев в 1 мл эякулята.

Оплодотворяющая способность спермы хряков белорусской круп-

ной белой породы с генотипами EPOR^{TT} и EPOR^{CT} имела тенденцию к незначительному превышению – у хряков с генотипом EPOR^{CC} на 0,2 проц. пункта, а у хряков с генотипом EPOR^{CT} на 1 проц. пункт, соответственно, над спермой хряков с гомозиготным генотипом EPOR^{CC}.

В целом же достоверных различий между хряками разных генотипов по гену EPOR по качеству спермопродукции выявлено не было. Выявление характера полиморфизма генов-кандидатов продуктивности на молекулярном уровне методом ПЦР-ПДРФ-анализа с последующим выделением желательных генотипов, как дополнительный метод к классической стратегии селекционного процесса, позволяет при незначительных затратах на проведение ДНК-тестирования повысить не только эффективность ведения селекционной работы, но и экономическую эффективность отрасли свиноводства в целом.

Расчет экономической эффективности использования различных генотипов для повышения продуктивных качеств свиней проводился в разрезе каждой полиморфной группы исследуемых генов, а также по мере возрастания концентрации отдельных аллелей в геноме животных. Расчет велся в сопоставимых ценах на 25.05.2009 г. Стоимость комбикорма марки СК-26, применяемого в период откорма, составила 660,0 тыс. руб. за 1 тонну. Расчетная стоимость 1 кг живой массы реализуемого молодняка после откорма: I категория – 4633 руб., II категория – 4480 руб., III категория – 3930 руб. Обменный курс у. е. – 2800 руб.

Экономическая эффективность, обуславливающая перспективность применения ДНК-тестирования на характер полиморфизма гена EPOR для повышения репродуктивной функции свиноматок, представлена в таблице 2.36.

Ранее установлено, что свиноматки белорусской мясной породы с генотипом EPOR^{TT} имели достоверно более высокое многоплодие, в сравнении с генотипом EPOR^{CC}, на 1,3 головы, по количеству молодняка к отъему на 0,7 головы – за счет повышения сохранности. Наличие аллеля EPOR^T в генотипе гетерозиготных свиноматок также привело к росту показателей репродуктивных качеств – на 1,0 и 0,6 голов, соответственно. Этим самым был доказан положительный эффект аллеля EPOR^T в генотипе свиноматок, который в стоимостном выражении возрастал по мере увеличения концентрации данного аллеля. Так, использование 100 свиноматок с предпочтительным генотипом (EPOR^{TT}), с учетом количества опоросов в год (2,2) и сохранности животных за периоды дорашивания и откорма (94 %), позволяет получить молодняка к реализации на 150,4 головы больше в сравнении с использованием генотипа EPOR^{CC}. Соответственно увеличивается реализаци-

Таблица 2.36 Показатели эффективности использования гена EPOR в качестве маркера млекопитающих свиноматок белорусской мясной и белорусской крупной белой пород

Показатели	Генотипы – БМП			Генотипы – БКБП		
	EPOR ^{CC}	EPOR ^{CT}	EPOR ^{TT}	EPOR ^{TT+} EPOR ^{CT}	EPOR ^{CC}	EPOR ^{CT}
Многоплодие, гол.	11,1	12,1	12,4	12,2	10,8	11,4
Поросят к объему с учетом сохранности, гол.	9,4	10,0	10,1	10,0	8,5	9,1
Среднегодовое количество опоросов на одну свиноматку	2,2	2,2	2,2	2,2	2,2	2,2
Выход поросят на 1 свиноматку в год, гол.	20,6	22,0	22,2	22,0	18,7	20,0
Количество молодняка, реализуемого на 100 свиноматок в год с учетом отхода, гол.	1936,4	2068,0	2086,8	2068,0	1757,8	1880,0
Живая масса 1 гол. молодняка при реализации, кг	110	110	110	110	110	110
Получено живой массы молодняка на 100 свиноматок в год, кг.	213004,0	227480	229548	227480	193358	206800
в т.ч. I категории	191703,6	204732	206593,2	204732	145018,5	155100
II категории	21300,4	22748	22954,8	22748	48339,5	51700
Закупочная цена на свинину за 1 кг живого веса, руб.:						
I категории	4633	4633	4633	4633	4633	4633
II категории	4480	4480	4480	4480	4480	4480
Выручка от реализации молодняка на 100 свиноматок в год, тыс. руб.	983588,6	1050434,4	1059983,8	1050434,4	888431,6	950194,3
в т.ч. за I категорию	888162,8	948523,4	957146,3	948523,4	671870,7	718578,3
за II категорию	95425,8	101911,0	102837,5	101911,0	216560,9	231616
Экономический эффект:						
тыс. руб.	-	66845,8	76395,2	66845,8	-	61762,7
у.е.	-	23873,5	27284,0	23873,5	-	22058,1

онная живая масса откормочного поголовья и выручка после реализации, с учетом категоричности туш – на 16544 кг, или 76395,2 тыс. руб. По гетерозиготному генотипу данное превышение составило 14476 кг и 66845,8 тыс. руб., соответственно.

Зачастую ограничения в размере селекционного ядра, в дороговизне получения племенных животных и т. д., часто не позволяют использовать лишь желательные генотипы. В связи с этим, интерес представляет установление усредненного экономического эффекта использования генотипов с желательным аллелем (EPOR^{TT} + EPOR^{CT}), который в нашем случае, после реализации откормочного молодняка, составил 61762,7 тыс. руб. больше в сравнении с генотипом EPOR^{CC}.

2.7.4. Генетические маркеры, детерминирующие предрасположенность поросят к колибактериозу

2.7.4.1. Влияние полиморфизма гена ECRF18 на продуктивность свиноматок, сохранность поросят и их предрасположенность к заболеванию колибактериозом

Колибактериоз – остро протекающее инфекционное заболевание молодняка животных, в частности, поросят, сопровождающееся диареей, дегидратизацией тела и высокой летальностью. В настоящее время в ветеринарной практике одним из путей защиты поросят от неонатальной диареи, связанной с E.Coli, является вакцинация свиноматок.

Недостатком этого способа является высокая стоимость вакцин и мероприятий по вакцинации, невозможность получения высокой гарантии излечения животных. Возбудителем заболевания является кишечная палочка E.coli, которая продуцирует адгезивные антигены. Под адгезией понимают способность бактерий прикрепляться к чувствительным клеткам макроорганизма. Функцию адгезии несут субстанции, называемые адгезинами.

Из специфических адгезинов при колибактериозе поросят наиболее важную роль играют F 4 (K 88) и F 18 [33, 34].

В качестве возможного генетического маркера, представляющего практический интерес для свиноводства, рассматривается ген рецептора E.coli F 18 (ESRF 18). Установлено, что ген, кодирующий белок рецепторов кишечника свиней, имеющих средство E.coli F 18, тесно сцеплен с геном альфа-1-фукозилтрансферазы (FUT 1). Наличие точковой мутации гена FUT 1 A→G (в позиции 307) делает возможным проведение косвенной диагностики полиморфизма гена ECRF 18 / FUT 1. Поросята, имеющие генотип GG или AG, предположительно являются

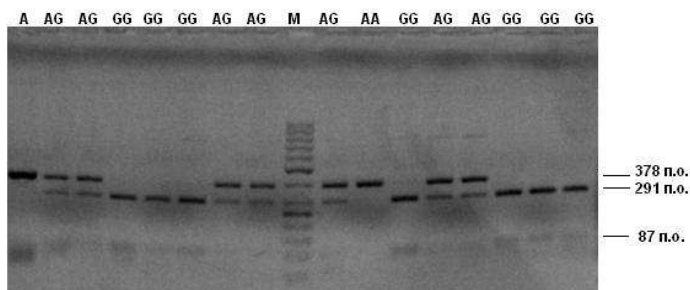
восприимчивы к колибактериозу, а с генотипом АА – устойчивыми. Выявление данной мутации сделало возможным проведение молекулярной генной диагностики полиморфизма гена *ECRF 18* методом полимеразно-цепной реакции (ПЦР) [73, с. 112-117].

Использование метода молекулярной генной диагностики позволяет проводить селекцию непосредственно на уровне ДНК, то есть по генотипу (маркерзависимая селекция) [75, 76]. ДНК-тестирование свиней по гену *ECR F18/FUT1* – маркеру устойчивости к колибактериозу.

Одним из способов повышения производства свиноводческой продукции является повышение выживаемости молодняка за счёт устойчивости к заболеваниям, что может быть достигнуто различными методами: оптимизация условий содержания, применение антибиотиков, иммуностимуляторов и т. д. Однако наиболее эффективным и экономически выгодным является использование в селекции генетически устойчивых особей.

Колібактеріозом називають захворювання, викликане патогенними штаммами *E.coli*. *E.coli* з типом фимбрий F18 є причиною післятьємної діареї, яка призводить до смерті значущої частини молодняка. Зарубіжні дослідники [226, с. 3-48] повідомляють, що чутливість до даної форми колібактеріозу детермінує ген *ECR F18/FUT1*. У свиней описано, по крайній мірі, один сайт поліморфізму даного гена, що впливає на розвиток цього захворювання – заміна А на G в 307 м положенні. Варіант А забезпечує підвищену стійкість і, як наслідок, більш високу збереженість молодняка. Мутація в гені *ECR F18/FUT1* призвела до появи додаткового сайту узнавання для рестриктази *Hha1*, тому маючий поліморфізм можна легко виявити ПДРФ-методом.

Поліморфізм виявляли ПЦР-ПДРФ аналізом. Ампліфікований фрагмент, довжини 402 п.н. піддавався рестрикції *Hha1* або будь-яким її ізошізомером. Фрагмент довжини 378 п.н. відповідав А алелю, фрагменти 291 і 87 – G алелю, фрагмент 24 п.н. був однаковою для обох алелів. Генотипування особей по гену *ECRF18/FUT1* представлено на електрофореграмі (рис. 2.38).



Условные обозначения: AA, AG, GG – генотипы животных; А – амплификат, М – маркер

Рисунок 2.38 – Электрофореграмма ПЦР-ПДРФ анализа по гену *ECRF18/FUT1*

Согласно литературным данным, частота аллеля А в европейских породах свиней варьирует от 22 % (польский ландрас) до 69 % (Mangalitsa) (таблица 2.37). Однако то, что обнаруженная частота аллеля, имеющего сельскохозяйственную ценность, находится ниже нижней границы спектра выявляемых частот, свидетельствует о значительных возможностях селекции на увеличение сохранности молодняка в исследованной группе свиней. Включение в селекционные планы маркирования по гену *ECR F18/FUT1* позволит значительно повысить наследственную устойчивость свиней к колибактериозу буквально за 2-3 поколения.

Таблица 2.37 – Частота встречаемости генотипов и аллелей гена *ECR F18* у свиней плановых пород РБ

Порода	Число голов	Частоты генотипов, %			Частоты аллелей	
		AA	AG	GG	A	G
Крупная белая	69	7,3	39,1	53,6	0,27	0,73
Белорусская черно-пестрая	20	10,0	35,0	55,0	0,27	0,73
Белорусская мясная	30	16,0	34,0	50,0	0,33	0,67
Эстонская беконная	34	8,8	32,0	58,8	0,25	0,75
Ландрас	44	11,2	24,9	63,9	0,24	0,46

Целью наших исследований было изучение полиморфизма гена ре-

цептора *E.coli* F18 и его влияние на проявления заболеванием колибактериозом, а также установление связи между аллельными вариантами гена и продуктивностью свиней. Анализ результатов генетических тестов свиноматок позволил выявить частоты встречаемости аллелей генотипов А и G гена ECR F18.

При анализе результатов исследований на 197 головах свиней выяснилось, что частота встречаемости мутантного аллеля G у различных пород относительно высока – 67-76 %.

Распределение генотипов гена ECR F18 в исследованных породах свиней схематично представлено в рисунке 2.39. Данные показывают, что частота нежелательного генотипа GG варьировала от 50,0 % у свиней белорусской мясной породы до 63,8 % у породы ландрас.

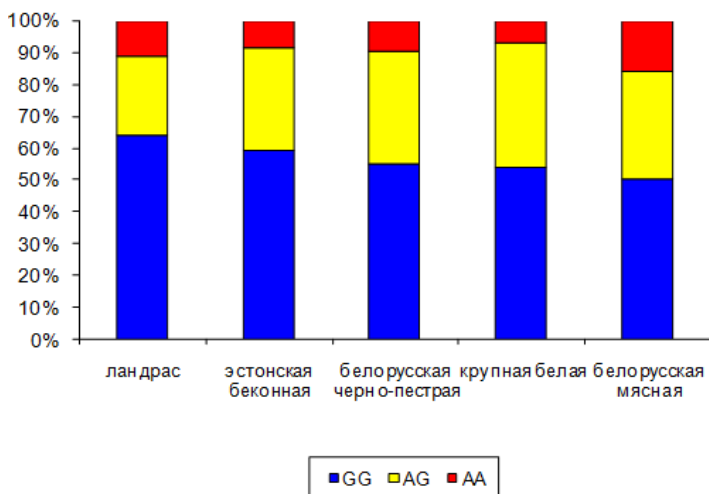


Рисунок 2.39 – Частоты встречаемости генотипов ECR F18 по породам.

Влияние генотипа свиноматок по ECR на их продуктивность, сохранность и энергию роста молодняка имеет большое практическое значение.

Исследования проводились в условиях промышленной технологии на свиноматке «Дражно» Витебской области. Были исследованы 54 многопородных матки, которые создавались с участием следующих пород свиней: крупная белая, белорусская мясная и эстонская беконная.

Анализ результатов генетических тестов свиноматок позволил выявить частоты встречаемости аллелей генотипов А и G гена ECRF 18 (таблица 2.38).

Таблица 2.38 – Частота встречаемости генотипов и аллелей гена ECR F18 у опытных свиноматок

Количество свиноматок	Частоты генотипов, %			Частоты аллелей	
	AA	AG	GG	A	G
54	12,9	37,1	50,0	0,32	0,68

Частота встречаемости предположительно чувствительного к колибактериозу аллеля G была 0,68, желательного А – 0,32.

В результате исследований на заболевание колибактериозом полученных от свиноматок поросят в зависимости от генотипов было установлено, что доказанных клинических случаев было: генотип AA (121 поросенок) – 5 случаев (4,1 %); генотип AG (278 голов) – 18 (6,5 %); генотип GG (432 поросенка) – 36 случаев (8,3 %). Таким образом, встречаемость заболевания у животных с генотипом AA была в 1,98 раза ниже, чем у потомства свиноматок с генотипом GG, что позволяет говорить о наличии тенденции влияния генотипов гена ECRF18 на проявление колибактериоза у отъемышей.

Так как чувствительность к колибактериозу может оказывать влияние на уровень проявления признаков продуктивности, нами были проведены исследования по влиянию полиморфизма гена ECR F18 на продуктивность свиноматок. Результаты исследований представлены в таблице 2.39.

Таблица 2.39 – Влияние полиморфизма гена ECRF18 на продуктивность свиноматок

Генотипы	Количество опоросов	Многоплодие, гол.	Масса гнезда при рождении, кг	Молочность, кг	Отъем в 45 дней		Сохранность, %
					количество, гол.	масса гнезда, кг	
AA	14	9,14±0,42	11,44±0,48	47,3±2,3	9,1±0,32*	84,1±4,6	97,5
AG	36	9,08±0,31	11,3±0,28	46,2±2,0	8,5±0,3	83,7±5,0	92,9
GG	54	8,95±0,24	11,35±0,40	48,2±1,4	8,2±0,25	79,6±4,1	91,8

Отмечено достоверное ($P < 0,05$) увеличение количества поросят при отъеме на 9,9 % у животных с устойчивым к колибактериозу генотипом AA по сравнению с восприимчивым к болезни генотипом GG. Также выявлена тенденция к повышению показателей продуктивности

у животных с генотипом AA по сравнению с GG, в частности, по отъемной массе гнезда – на 4,5 кг и сохранность поросят – на 5,7 %.

Что касается гетерозиготного генотипа AG, известно, что восприимчивость поросят к колибактериозу имеет доминантный тип наследования, т. е. животные, несущие нежелательную аллель, как в гомозиготном, так и в гетерозиготном состоянии, восприимчивы к колибактериозу, что подтверждается промежуточным характером результатов исследований животных с генотипом AG.

Закономерности, выявленные в процессе исследований, требуют подтверждения не только на помесных, но и на чистопородных плановых породах свиней Беларуси, а также на большом поголовье. Поскольку поросята наследуют от матери только половину генетического материала (одну из двух аллелей), в дальнейших исследованиях планируется изучение генотипов отцов, чтобы генотипы потомства были заранее predetermined.

Однако уже на данном этапе работ можно предположительно рассматривать ген ECR F18 как генетический маркер, определяющий предрасположенность свиней к колибактериозу и влияющий на продуктивность свиноматок. В дальнейшем, с целью профилактики колибактериоза, необходим отбор и подбор родительских пар по генотипам.

Нами была поставлена задача: увеличить число исследований, отобрать животных с предпочтительным генотипом и разработать метод профилактики заболеваний на геномном уровне.

В процессе исследований разработан способ селекции по снижению заболеваемости поросят колибактериозом с использованием ПЦР-ПДРФ анализа. При этом оценка животных осуществляется на основании результатов ПЦР-ПДРФ и изучения полиморфизма гена FCR F18 FUT 1, выявление хряков и свиноматок, несущих генотипы AA, AG и GG; их отбора и подбора, исключая при этом из селекционного процесса родительские пары с нежелательным сочетанием генотипов GGxGG.

Способ осуществляется следующим образом: в качестве исходного материала используются биопробы ткани из ушной раковины свиноматок и хряков. Из образцов выделяется ДНК для последующего анализа полиморфизма гена FCR F18 FUT 1 методом ПЦР-ПДРФ. При анализе полиморфизма определяются генотипы (AA; AG; GG). При этом производится отбор и подбор родительских пар с предпочтительными сочетаниями генотипов AA и AG. Не допускается подбор родителей с сочетанием генотипов GGxGG.

Пример конкретного выполнения

Исследования проводились в условиях племфермы РУСПП «Свинокомплекс Борисовский» Минской области на 47 хряках и 114 основных свиноматок крупной белой породы. Анализ результатов генетических тестов позволил выявить частоты встречаемости генотипов гена ECRF 18 (таблица 2.40).

Таблица 2.40 – Частота встречаемости генотипов и аллелей гена ECRF18 у опытных свиней

Половозрастная-группа	Голов	Частоты генотипов, %			Частота аллелей	
		AA	AG	GG	A	G
Хряки основные	47	4,3	25,5	70,2	0,17	0,83
Свиноматки основные	114	3,5	32,0	64,0	0,20	0,80

Как у свиноматок, так и у хряков частоты встречаемости аллелей гена ECR F18 были близки: А – 0,17-0,20; G – 0,80-0,83.

Поскольку ранее было выявлено, что прослеживается четкая тенденция повышения сохранности поросят у свиноматок, несущих аллель А [2-А, 3-А], в наших исследованиях в качестве критерия был выбран этот показатель. Это также связано с тем, что из-за конкретных технологических условий точный диагноз на заболеваемость поросят колибактериозом был затруднен.

Результаты исследований представлены в таблице 2.41.

Таблица 2.41 – Влияние полиморфизма гена ESR F18 FUT 1 на продуктивность свиноматок крупной белой породы

Генотип	Всего опоросов	Многоплодие, гол.	Молочность, кг	Отъем в 35 дней		Сохранность, %
				кол-во гол.	Масса гнезда, кг	
AA	7	10,75±1,11	52,50±1,71	9,50±0,65	73,25±3,94	88,4±2,2*
AG	76	11,77±0,27	46,30±0,88	10,08±0,10	80,54±1,25	85,6±1,30
GG	136	11,40±0,13	44,81±0,98	9,45±0,10	74,22±1,51	82,9±1,21

*Примечание: разница между генотипами AA и GG достоверна при * – P<0,05, ** – P<0,01.*

Анализ данных показал, что сохранность поросят от матерей с генотипами AA и AG была выше на 5,5 (P< 0,05) и 2,8 %, чем у животных с генотипом GG. Достоверной разницы между показателями про-

дуктивности свиноматок выявлено не было.

Анализ результатов исследований показывает, что встречаемость заболеваний колибактериозом у потомства свиноматок с генотипом AA и AG в 1,98 и 1,6 раз ниже, чем у животных с генотипом GG, соответственно. Сохранность поросят у маток с генотипами AA и AG на 5,7 и 1,1 %, соответственно, выше, чем у их аналогов с генотипом GG.

Исследования влияния полиморфизма гена FCR F18 FUT 1 на продуктивность свиноматок крупной белой породы представлена в таблице 2.42.

Таблица 2.42 – Влияние полиморфизма гена FCR F18 FUT 1 на продуктивность свиноматок крупной белой породы

Гено-тип	n	Многопло-дие, гол	Количество поросят к отъему, гол	Масса гнез-да, кг	Сохран-ность, %
ЗАО «Дражно» Витебской обл.					
AA	14	9,14±0,42	9,1±0,32*	84,1±4,6	97,5±2,23*
AG	36	9,08±0,31	8,5±0,3	83,7±5,0	92,8±2,65
GG	54	8,95±0,24	8,2±0,25	79,6±4,1	91,8±2,13
РУСПП «Свинокомплекс Борисовский» Минская обл.					
AA	7	10,75±1,11	9,5±0,65	73,25±3,94	88,4±2,2*
AG	76	11,77±0,27	10,08±0,1	80,54±1,25	85,6±1,3
GG	136	11,4±0,13	9,45±0,1	74,22±1,51	82,9±1,21
ООО «ТД«Ждановичи-Агро»» Минской обл.					
AA	2	11,5±0,5	10,0±0,01	75,1±0,02*	87,1±3,8**
AG	39	10,62±0,32	8,41±0,23	65,0±1,86	80,96±2,59
GG	47	11,13±0,3	7,91±0,25	60,43±1,89	72,3±2,27

Примечание: разница с генотипами GG достоверна при * $p < 0,05$; ** $p < 0,01$

Анализ данных таблицы 2.42 показал, что свиноматки с генотипами AA и AG превосходят по сохранности аналогов с генотипом GG на 5,5-14,8 % ($P < 0,05$; $P < 0,01$) и 1,0-8,7 %, соответственно. Между показателями продуктивности достоверной разницы выявлено не было.

Поскольку поросята наследуют от матери только половину генетического материала (одну из двух аллелей), представляет несомненный интерес изучение генотипа отцов, с тем, чтобы генотипы потомства были predeterminedены при отборе и подбора родительских пар. Рекомендуется проводить генетическое тестирование в период отбора рементного молодняка.

Исследование сочетаний генотипов матерей и отцов выявило 4 из 9 возможных комбинаций (таблица 2.43).

Таблица 2.43 – Продуктивность свиноматок крупной белой породы в зависимости от подбора пар по генотипам ECRF18 FUT 1

Генотип (мать x отец)	Кол-во опоро- сов	Мно- гопло- дие, гол.	Молоч- ность, кг	Отъем в 35 дней		Сохран- ность, %
				Кол-во гол.	Масса гнезда, кг	
GG x GG	27	11,52±0,21	42,37±1,56	9,41±0,17	74,04±2,10	81,7±2,12
AG x AG	11	10,82±0,23	48,55±2,25	10,09±0,25	80,73±2,74	93,3±2,85**
GG x AG	18	10,89±0,25	47,67±1,89	9,89±0,21	81,61±3,18	90,8±3,22
AG x GG	27	11,44±0,15	46,63±1,41	10,15±0,77	83,07±2,27**	91,8±2,34

В результате исследований установлено влияние генотипа отца на показатели продуктивности свиноматок крупной белой породы по гену ECR F18 FUT 1. При наличии аллеля А в генотипе как матери, так и отца (AGxAG) сохранность поросят достоверно ($P<0,01$) повышалась на 11,6 % при наличии в геноме отца аллелей AGxGG и GGxAG сохранность поросят повышалась на 10,1 и 9,1 %, соответственно, по сравнению с потомством родителей, несущих в генотипе только аллель G. Из показателей продуктивности свиноматок можно выделить массу гнезда при отъеме, которая у животных, гомозиготных по аллелю А, была на 9,0-12,2 % выше, чем у родителей с генотипом GG. Таким образом, с целью снижения заболеваемости поросят колибактериозом следует проводить тестирование родителей методом ПЦР-ПДРФ на полиморфизм гена FCR F18 FUT 1, выявлять хряков и маток с генотипами AA и AG, проводить их подбор и использовать в воспроизводстве, исключая при этом из селекционного процесса родительские пары с сочетанием генотипов GGxGG и по возможности ограничивая сочетания AGxGG GGxAG (рисунок 2.40). Способ селекции по снижению заболевания поросят колибактериозом с использованием метода ПЦР-ПДРФ позволит значительно (на 9,1-11,6 % ($P<0,01$)) повысить их сохранность и на 9,1-12,5 % ($P<0,01$) отъемную массу гнезда.

Использование способа экономически эффективно. При относительно невысоких затратах на тестирование свиноматок и хряков значительно увеличивается экономическая эффективность производства свинины.

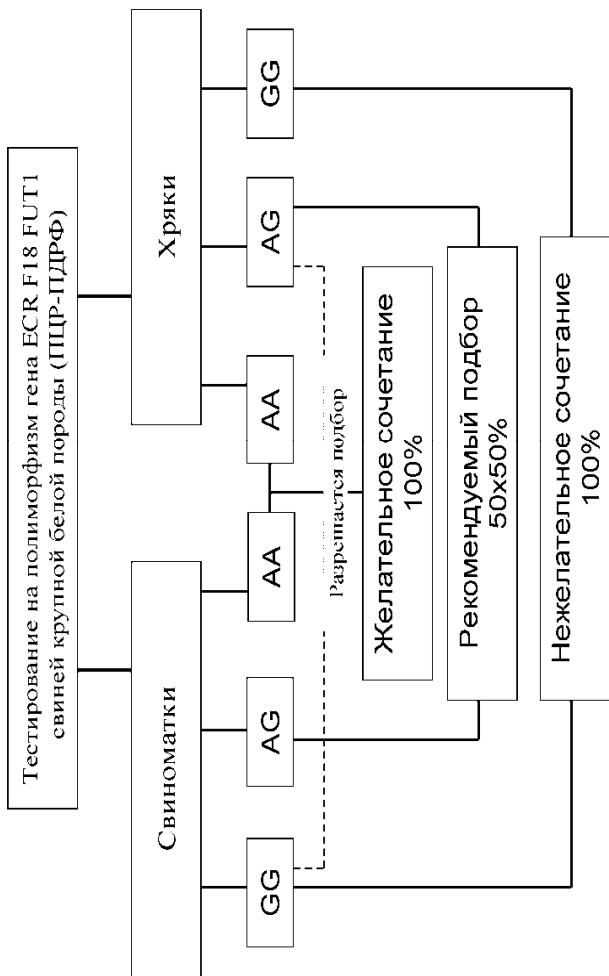


Схема исследований и подбора по методу селекции по снижению заболеваемости поросят колибактериозом.

Рисунок 2.40 – Метод подбора на повышение жизнеспособности и продуктивности свиноматок

Анализ частотности основных пород свиней на аллель-А детерминирующую в генотипах свиней генетическую устойчивость к колибактериозу показал, что её значения не превышают 0,4, или 40 % (рис. 2.41). На общем фоне белорусские породы выглядят неплохо, однако нуждаются в постоянном контроле по данному гену и активной корректировке через постоянный отбор, особенно хряков.



Д - дюрок, БМ - белорусская мясная, БК - белая короткоухая, Л - ландрас, КБ - крупная белая, ЭБ - эстонская беконная, И - йоркшир, БЧП - белорусская черно-пестрая, КББ - крупная белая белорусская, ЛЛВ - ливенская, УРЖ - уржумская. В скобках после наименования породы указано число исследованных популяций свиней.

Рисунок 2.41 – Частоты встречаемости аллелей гена ECR F18/FUT1 у свиней

Основная проблема отечественного свиноводства состоит в том, что большинство используемых маток имеют нежелательный генотип GG по гену ECR F18/FUT1. И особенно актуально применение данного метода при отборе и совершенствовании свиней БКБ породы

2.7.4.2. Ген MUC4, как маркер предрасположенности молодняка свиней к колибактериозу

2.7.4.2.1. Генетическая структура по гену MUC4 свиней белорусской крупной белой и белорусской мясной пород

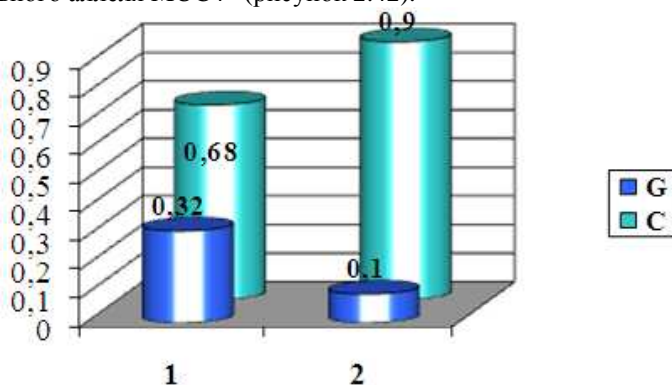
В свиноводстве кишечные расстройства – самые широко распространенные и серьезные проблемы, и хозяйства во всем мире несут в связи с этим каждый год значительные экономические потери.

Известно, что возбудителями, ответственными за возникновение неонатальной диареи у молодняка свиней, наиболее часто являются энтеротоксические *E.coli* (ЕТЕС) с типом фимбрий F4 (K88). Попадая в кишечный тракт поросят, бактерии прикрепляются к стенкам тонкого кишечника через поверхностные белковые антигены, постепенно увеличивается их количество и происходит передача токсинов непосредственно в клетки кишечного эпителия. В результате действия токсинов прекращается жидко-абсорбирующая деятельность эпителиальных клеток кишечника, что приводит к развитию диареи [2, 3; 7-А, с.40-42; 13-А, 15-А, 16-А].

В основе генетической устойчивости животных к колибактериозу лежит отсутствие на поверхности клеток их кишечника соответствующих факторов прикрепления. В качестве одного из генов, принимающих участие во взаимодействии ЕТЕС и кишечных рецепторов, рассматривается ген MUC4, в основе полиморфизма которого лежит точечная мутация G→С. При этом предполагается, что желательным, с точки зрения устойчивости к колибактериозу, является аллель MUC4^C.

В результате молекулярно-генетического тестирования хряков-производителей и свиноматок белорусской крупной белой и белорусской мясной пород был выявлен полиморфизм гена MUC4, представленный двумя аллелями – MUC4^C и MUC4^G.

При изучении генетической структуры исследуемых пород были установлены значительные различия по частоте встречаемости нежелательного аллеля MUC4^G (рисунок 2.42).

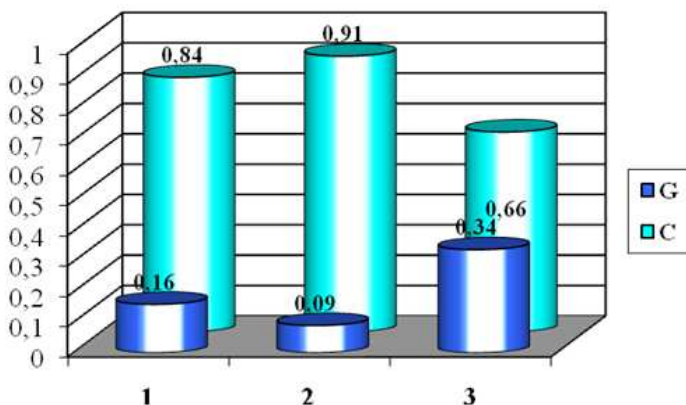


1. Белорусская крупная белая порода; 2. Белорусская мясная порода

Рисунок 2.42 – Частота встречаемости аллелей гена MUC4 среди животных белорусской крупной белой и белорусской мясной пород

Наибольшей частотой встречаемости аллеля MUC4^G характеризовались животные белорусской крупной белой породы, среди которых она составила 0,32, что на 22 проц. пункта больше, чем среди животных белорусской мясной породы [18-А, с.48-52].

Также в наших исследованиях [7-А, с. 40-42; 13-А, 15-А, 16-А, 31-А, 40-А, 44-А, 52-А, 61-А, 63-А, 77-А, 80-А, 86-А; 90-А, с. 53-62; 94-А, с. 57-62; 70-А] была проведена оценка частот встречаемости аллеля MUC4^G среди различных половозрастных групп популяций исследуемых пород (рисунки 2.43 и 2.44).



1. БКБП (СГЦ «Заднепровский»); 2. БМП (СГЦ «Заднепровский»);
3. БКБП (ПЗ «Порплище»).

Рисунок 2.43 – Частота встречаемости аллелей гена MUC4 среди хряков-производителей белорусской крупной белой и белорусской мясной пород

В данном случае наименьшая концентрация аллеля MUC4^G была среди животных, разводимых в условиях РСУП «СГЦ «Заднепровский» Оршанского района Витебской области – от 0,09 у хряков-производителей до 0,11 у свиноматок белорусской мясной породы и от 0,16 до 0,28 – среди белорусской крупной белой породы. Относительно повышенной концентрацией аллеля MUC4^G отличались хряки-производители и свиноматки белорусской крупной белой породы, разводимой в условиях племенного завода «Порплище» Докшицкого района Витебской области, – от 0,34 у хряков до 0,50 у свиноматок.

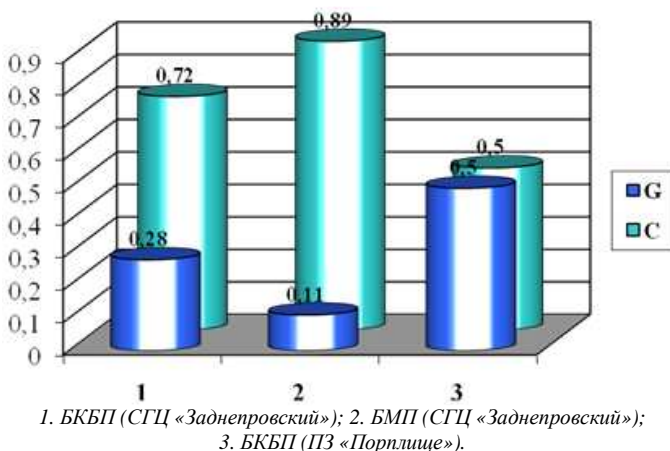


Рисунок 2.44 – Частота встречаемости аллелей гена MUC4 в популяции чистопородных свиноматок белорусской крупной белой и белорусской мясной пород

Результаты ДНК-тестирования животных на полиморфизм гена MUC4 позволили изучить генетическую структуру на породном и популяционном уровнях, а также среди половозрастных групп внутри популяций белорусской крупной белой и белорусской мясной пород. Результаты анализа представлены в таблице 2.44.

Нами было установлено, что частота встречаемости желательного генотипа MUC4^{CC} на породном уровне варьировала в достаточно широком диапазоне: от 39 % у белорусской крупной белой породы до 82,2 % у белорусской мясной породы. Среди популяций свиней белорусской крупной белой и белорусской мясной пород (СГЦ «Заднепровский») гомозиготного генотипа MUC4^{GG} выявлено не было. В то же время анализ распределения генотипов в выборке животных белорусской крупной белой породы, разводимой в условиях ПЗ «Порплище», позволил установить относительно высокий удельный вес данного генотипа – от 6,25 % среди хряков-производителей до 22,7% среди свиноматок, в среднем же по популяции – 15,8 %. Анализ генетической структуры по гену MUC4 свиней белорусской крупной белой породы (СГЦ «Заднепровский») позволил установить достоверное ($P < 0,001$) различие между фактическими и ожидаемыми частотами генотипов. При этом в выборке генетическое равновесие было смещено в сторону гетерозиготных (MUC4^{CG}) особей, в то время как частоты гомозигот-

Таблица 2.44 – Генетическая структура свиной белорусской крупной брылей и белорусской мясной пород по гену MUC4

Порода	Половозрастные группы	n	Распределение	Частоты генотипов, %			χ^2
				MUC4 ^{CC}	MUC4 ^{CG}	MUC4 ^{GG}	
БКБП СПЦ «Заднепровский»	хряки-производители	44	Ф	68,2	31,8	-	1,57
			О	70,6	26,9	2,5	
	свиноматки	95	Ф	29,5	70,5	-	28,1***
В среднем по популяции	хряки-производители	139	Ф	45,6	41,9	12,5	23,5***
			Ф	41,7	58,3	-	
			О	50,4	41,2	8,4	
БКБП ПЗ «Порплище»	хряки-производители	16	Ф	37,5	56,25	6,25	0,9
			О	43,6	44,9	11,5	
	свиноматки	22	Ф	22,7	54,6	22,7	0,18
В среднем по популяции	свиноматки	38	О	25,0	50,0	25,0	0,59
			Ф	28,9	55,3	15,8	
			О	32,5	49,0	18,5	
В среднем по породе	хряки-производители	177	Ф	39,0	57,6	3,4	18,1***
			О	45,9	43,7	10,4	
			Ф	82,2	17,8	-	
БМП СПЦ «Заднепровский»	хряки-производители	28	О	82,8	16,4	0,8	0,27
			Ф	78,2	21,8	-	
	свиноматки	78	О	79,2	19,6	1,2	1,1
В среднем по породе	свиноматки	106	Ф	79,2	20,8	-	1,42
			О	80,3	18,6	1,1	

ных генотипов ($MUC4^{GG}$ и $MUC4^{CC}$) были ниже ожидаемых. Это, вероятно, связано с высоким селекционным давлением при отборе молодняка (особенно хрячков) на ремонт в данном свиноводческом хозяйстве, в результате чего переболевшие колибактериозом и ослабленные особи (носители мутантного аллеля $MUC4^G$) не попадают в состав основного стада. Среди животных белорусской мясной породы (СГЦ «Заднепровский») и белорусской крупной белой породы (ПЗ «Порплище») величина несоответствия фактических и ожидаемых частот распределения генотипов была заметна ниже допустимого порога – 3,84 ($P < 0,05$), несмотря на то, что гомозиготного генотипа по мутантному аллелю $MUC4^G$ среди свиней белорусской мясной породы так же выявлено не было.

2.7.4.2.2. Влияние генотипа свиноматок по гену $MUC4$ на сохранность и скорость роста поросят-сосунов

Поскольку наличие в генотипе свиней с аллелем $MUC4^G$ предположительно связано с восприимчивостью поросят к колибактериозу нами было проведено сравнение сохранности поросят, полученных от свиноматок белорусской крупной белой породы с генотипом $MUC4^{CC}$ и матками-носительницами мутантного аллеля $MUC4^G$ (таблица 2.45).

Таблица 2.45 – Сохранность поросят в зависимости от наличия в генотипе матерей аллеля G гена $MUC4$

Показатели	Генотип матки		Разница между группами, ±
	$MUC4^{CC}$	$MUC4^{CG+GG}$	
Количество опоросов	50	145	
Многоплодие, гол.	11,6±0,25	12,1±0,15	-0,5
Количество поросят в 21 день, гол.	10,1±0,16	9,9±0,10	+0,2
Сохранность поросят с 1 по 21 день жизни, %	90,3±1,14**	86,0±0,86	+4,3
Количество поросят к отъему, гол.	9,9±0,17	9,7±0,10	+0,2
Сохранность поросят к отъему, %	89,2±1,20**	84,3±0,89	+4,9

Сравнительная оценка сохранности поросят, полученных от свиноматок различных генотипов, проводилась в общем по породе, независимо от популяционной принадлежности.

Как видно из таблицы, свиноматки с генотипами $MUC4^{CG}$ и $MUC4^{GG}$ имели при рождении на 0,5 попросенка больше в сравнении с

предпочтительным генотипом MUC4^{CC}, однако в результате свиноматки с генотипом MUC4^{CC} они достоверно (P<0,01) превосходили свиноматок с генотипами MUC4^{CG} и MUC4^{GG} по сохранности поросят к 21 дню жизни на 4,3 проц. пункта, а к отъему – на 4,9 проц. пункта, или на 0,2 головы.

В ходе дальнейших исследований нами был проведен анализ влияния отдельных полиморфных проявлений гена MUC4 у свиноматок на сохранность их потомства в разрезе пород и популяций (таблица 2.46).

Таблица 2.46 – Влияние генотипа свиноматок по гену MUC4 на сохранность поросят

Порода	Генотип матки	n	Многоплодие, гол.	Количество поросят при отъеме, гол.	Сохранность поросят к отъему, %
БКБП, СГЦ «Заднепровский»	MUC4 ^{CC}	37	12,1±0,26	10,3±0,16*	89,3±1,45**
	MUC4 ^{CG}	106	12,4±0,18	9,8±0,12	84,1±1,12
БКБП, ПЗ «Порплище»	MUC4 ^{CC}	13	10,1±0,38	8,9±0,36	88,8±2,14*
	MUC4 ^{CG}	31	11,1±0,29	9,4±0,27	85,9±1,72
	MUC4 ^{GG}	10	11,8±0,46	9,1±0,37	79,1±3,61
В среднем по породе	MUC4 ^{CC}	50	11,6±0,25	9,9±0,17	89,2±1,20*
	MUC4 ^{CG}	135	12,1±0,16	9,7±0,11	84,7±0,90
	MUC4 ^{GG}	10	11,8±0,46	9,1±0,37	79,1±3,61
БМП, СГЦ «Заднепровский»	MUC4 ^{CC}	70	11,8±0,25	10,1±0,08	91,2±0,81*
	MUC4 ^{CG}	27	12,0±0,31	9,9±0,17	86,8±1,78

Известно, что аллель MUC4^G в гетерогенном генотипе MUC4^{CG} находится в доминантном состоянии, что в свою очередь указывает на чувствительность к колибактериозу и, соответственно, более низкую сохранность животных с данным набором аллелей.

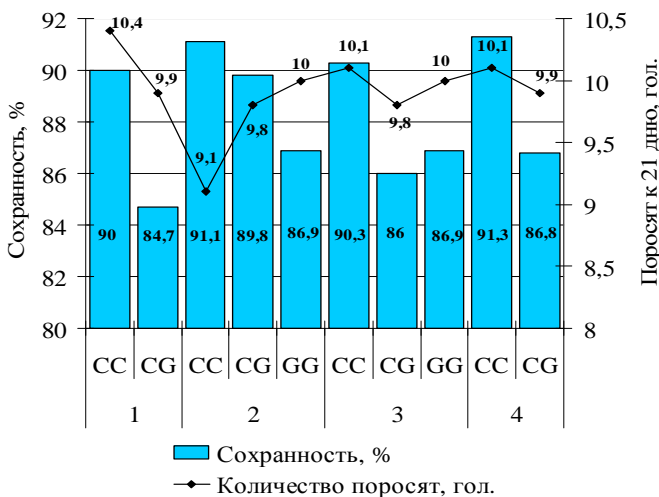
В нашем случае популяция маток белорусской крупной белой породы, разводимая в РСУП «СГЦ «Заднепровский» с генотипом MUC4^{CC} достоверно (P<0,05) превосходила маток с генотипом MUC4^{CG} по количеству поросят к отъему на 0,5 гол., по сохранности – на 5,2 проц. пункта (P<0,01). Аналогичная тенденция была и среди свиноматок, разводимых в условиях ПЗ «Порплище»: сохранность молодняка за подсосный период, полученного от маток с желательным гомозиготным генотипом MUC4^{CC}, была достоверно (P<0,05) выше на 9,7 проц. пункта, по сравнению с гомозиготным генотипом MUC4^{GG}.

Среди гетерозиготных особей MUC4^{CG} данное превышение составило 6,8 проц. пункта.

В общем же по белорусской крупной белой породе, свиноматки с генотипом MUC4^{CC} имели достоверно ($P < 0,05$) более высокую сохранность поросят к отъему в сравнении с генотипом MUC4^{GG} – на 10,1 проц. пункта, а гетерозиготные самки (MUC4^{CG}) – на 5,6 проц. пункта.

Повышение сохранности поросят к отъему было обнаружено среди подопытных животных белорусской мясной породы, разводимой в РСУП «СГЦ «Заднепровский». Так, сохранность поросят к отъему у свиноматок с генотипом MUC4^{CC} была достоверно ($P < 0,05$) выше на 4,4 проц. пункта по сравнению с генотипом MUC4^{GG}.

Проанализировав данные о сохранности поросят-сосунов за подсосный период, мы установили, что выбытие поросят в основном происходило в течение первых трех недель жизни, когда отмечается пик заболевания молодняка колибактериозом (рисунок 2.45). Аналогичные ассоциативные взаимосвязи полиморфизма изучаемых генов с их фенотипическим проявлением обнаружены в исследованиях других авторов [187, с. 129-61; 31].



1. БКБП, СГЦ «Заднепровский»; 2. БКБП, ПЗ «Порплище»; 3. В среднем по БКБП;
4. БМП, СГЦ «Заднепровский»

Рисунок 2.45 – Количество поросят и их сохранность к 21 дню жизни в зависимости от генотипа маток по гену MUC4

Матки белорусской крупной белой породы (СГЦ «Заднепровский») с генотипом MUC4^{CG} достоверно ($P < 0,05$) превосходили маток с генотипом MUC4^{CC} по количеству поросят к 21 дню на 0,5 гол., по сохранности поросят к 21 дню – на 5,3 проц. пункта ($P < 0,01$). Гомозиготные свиноматки (MUC4^{CC}), разводимые в ПЗ «Порплище», имели сохранность поросят в гнезде к 21 дню подсосного периода на 4,2 проц. пункта больше, по сравнению с гомозиготным генотипом MUC4^{GG}.

В среднем по белорусской крупной белой породе, свиноматки с желательным генотипом превосходили по сохранности поросят к 21 дню подсосного периода на 3,6 проц. пункта, в сравнении с гомозиготами по аллелю MUC4^G. Среди свиноматок белорусской мясной породы, между генотипами MUC4^{CC} и MUC4^{CG}, данная разница составила 4,5 проц. пункта ($P < 0,05$).

Так как репродуктивные качества, в том числе и сохранность молодняка, зависят и от возраста свиноматок, мы провели анализ влияния генотипов на анализируемые показатели, сравнив их среди первоопоросок и свиноматок с двумя и более опоросами (таблица 2.47). При сравнении продуктивности свиноматок с одним, двумя и более опоросами, разных генотипов по гену MUC4, нами была обнаружена положительная тенденция по сохранности поросят, полученных от особей, несущих только желательный аллель (MUC4^C) данного гена. Так, свиноматки белорусской крупной белой породы с генотипом MUC4^{CC} по первому опоросу достоверно ($P < 0,05$) превосходили по сохранности потомства к 21 дню и к отъему генотип MUC4^{CG} на 8,9 и 8 п.п.; с двумя и более опоросами – на 4 и 3,3 п.п., соответственно. Устойчивое повышение сохранности молодняка так же наблюдалось среди маток белорусской мясной породы: по первому опоросу – на 2,9 и 3,3 п.п.; по второму и более опоросам – достоверно ($P < 0,05$) выше на 5,0 п.п.

Большой интерес представляет также изучение степени влияния генотипов хряков-производителей по гену MUC4 на основной детерминирующий признак – сохранность поросят-сосунов (таблица 2.48).

В ходе анализа полученных данных по белорусской крупной белой породе было установлено влияние MUC4^{CC} на сохранность их потомства. Так, сохранность молодняка, полученного от хряков из РСУП «СГЦ «Заднепровский» с данным генотипом, к отъему была выше на 3,2 п.п. по сравнению с потомками, отцы которых имели гетерозиготный генотип MUC4^{CG}. Среди потомков хряков из ПЗ «Порплище» эта разница к отъему составила 0,4 п.п. В среднем же по данной породе желательный генотип хряков позволял увеличить количество и сохранность поросят к отъему на 0,9 гол. ($P < 0,001$), или на 5,6 п.п. ($P < 0,01$).

Таблица 2.47 – Влияние генотипа свиноматок разного возраста на сохранность поросят-сосунков

Возраст свиноматок	Генотип матки	Количество опоросов	Многоплод не, гол.	Количество поросят в 21 день, гол.	Сохранность с 1 по 21 день, %	Количество поросят при отъеме, гол.	Сохранность поросят к отъему, %
БКБП (РСУП СПЦ «Заднепровский»)							
Первоопороски	MUC4 ^{CC}	14	11,3±0,32	10,3±0,29	92,7±2,63*	10,2±0,29	91,9±2,57*
	MUC4 ^{CC}	33	11,7±0,27	9,6±0,25	83,8±2,30	9,5±0,26	83,9±2,36
	MUC4 ^{CC}	23	12,6±0,33	10,4±0,17	88,4±1,60	10,3±0,18	87,7±1,69
С двумя и более опоросами	MUC4 ^{CC}	71	12,8±0,22	10,0±0,12	84,4±1,14	10,0±0,12	84,4±1,10
	БКБП (ПЗ «Порлише»)						
Первоопороски	MUC4 ^{CC}	3	10,3±0,66	9,3±0,66	90,2±0,67	9,0±0,57	87,2±2,75
	MUC4 ^{CC}	7	10,4±0,36	9,4±0,52	90,5±4,07	9,1±0,59	87,5±3,95
	MUC4 ^{CC}	3	11,0±1,52	10,0±0,57	97,2±2,77	9,3±0,88	90,1±0,80
С двумя и более опоросами	MUC4 ^{CC}	10	10,0±0,47***	9,1±0,43	91,4±2,23**	8,9±0,45	89,4±2,71**
	MUC4 ^{CC}	24	11,2±0,0,36	9,9±0,26	89,6±2,04*	9,5±0,31	85,5±1,94*
	MUC4 ^{CC}	7	12,1±0,26	10,0±0,21	82,5±1,88	9,0±0,43	74,3±3,91
В среднем по БКБП							
Первоопороски	MUC4 ^{CC}	17	11,1±0,29	10,1±0,66	92,3±2,17	10,0±0,28	91,1±2,19
	MUC4 ^{CC}	40	11,4±0,24	9,6±0,22	85,0±2,04**	9,4±0,23	84,6±2,06*
	MUC4 ^{CC}	3	11,0±1,52	10,0±0,57	97,2±2,77	9,3±0,88	91,1±0,80
С двумя и более опоросами	MUC4 ^{CC}	33	11,8±0,34	10,0±0,20	89,3±1,31**	9,9±0,21	88,2±1,42**
	MUC4 ^{CC}	95	12,4±0,19	10,0±0,11	85,7±1,02	9,8±0,12	84,7±0,95*
	MUC4 ^{CC}	7	12,1±0,26	10,0±0,21	82,5±1,88	9,0±0,43	74,3±3,91
БМП (РСУП СПЦ «Заднепровский»)							
Первоопороски	MUC4 ^{CC}	15	11,2±0,22	10,2±0,17	91,4±1,63	10,1±0,16	90,8±1,71
	MUC4 ^{CC}	6	11,0±0,52	9,6±0,33	88,5±4,09	9,6±0,33	88,5±4,09
С двумя и более опоросами	MUC4 ^{CC}	55	12,0±0,31	10,0±0,10	91,3±0,93*	10,0±0,10	91,3±0,93*
	MUC4 ^{CC}	21	12,3±0,35	10,0±0,20	86,3±2,01	10,0±0,20	86,3±2,01

Таблица 2.48 – Влияние генотипа хряков по гену MUC4 на сохранность поросят-сосунов

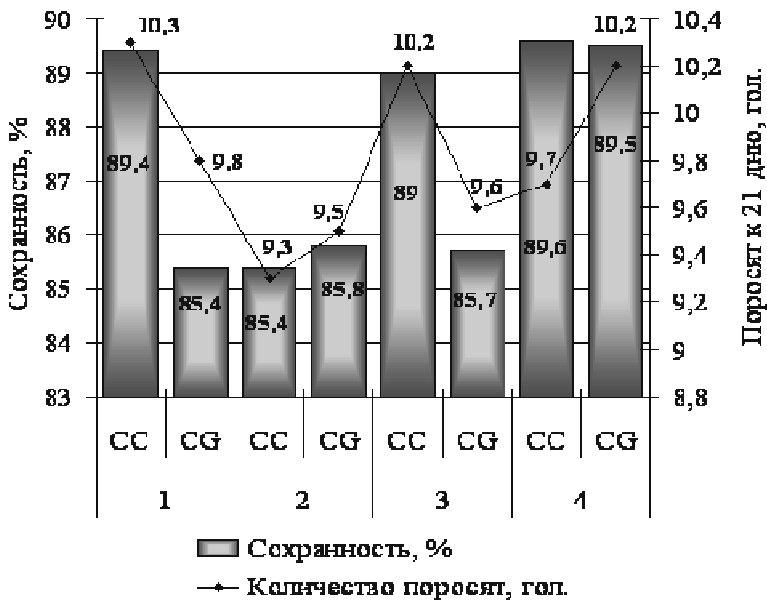
Порода	Генотип хряка	Количество опоросов	Многоплодие, гол.	Количество поросят при отъеме, гол.	Сохранность поросят к отъему, %
БКБП, СГЦ «Заднепровский»	MUC4 ^{CC}	61	12,4±0,24	10,2±0,12	88,6±1,03
	MUC4 ^{CG}	19	12,1±0,41	9,8±0,21	85,4±2,70
БКБП, ПЗ «Порплище»	MUC4 ^{CC}	7	11,0±0,57	8,9±0,40	81,2±3,51
	MUC4 ^{CG}	44	11,6±0,34	9,0±0,23	80,8±2,08
В среднем по породе	MUC4 ^{CC}	68	12,2±0,22	10,1±0,13***	87,8±1,02**
	MUC4 ^{CG}	63	11,8±0,27	9,2±0,18	82,2±1,67
БМП, СГЦ «Заднепровский»	MUC4 ^{CC}	44	12,2±0,30	9,75±0,47	89,5±1,21
	MUC4 ^{CG}	4	11,5±1,19	10,2±0,14	89,5±3,79

Сохранность поросят, полученных от хряков белорусской мясной породы с разными генотипами по гену MUC4, не имела достоверных различий, что очевидно связано с небольшой выборкой выявленных хряков с нежелательными генотипами, среди протестированных животных.

По количеству и сохранности поросят к 21 дню жизни (рисунок 2.46) хряки белорусской крупной белой породы с желательным аллелем превосходили гетерозиготный генотип MUC4^{CG} на 0,6 гол. ($P < 0,01$) и 3,3 п.п.

Следует отметить, что выявленная зависимость сохранности поросят отдельно как от генотипа матери, так и от генотипа отца по гену MUC4, хотя и может быть рекомендована к использованию в селекционной работе, направленной на повышение сохранности молодняка, является лишь косвенным показателем влияния полиморфизма гена MUC4 на этот признак, поскольку поросята наследуют от матери и от отца только один из двух аллелей.

Поэтому для прогнозирования и моделирования, устойчивых к колибактериозу генотипов свиней по гену MUC4, необходимо учитывать в схемах подбора не только генотип матери, но и генотип отца, ведь аллель MUC4^G находится в доминантном состоянии, независимо от того, от кого передается потомству.



1 БКБП, СГЦ «Заднепровский»; 2. БКБП, ПЗ «Порплище»; 3. В среднем по БКБП;
4. БМП, СГЦ «Заднепровский»

Рисунок 2.46 – Количество поросят и их сохранность к 21 дню жизни в зависимости от генотипа отцов по гену MUC4

Для выявления более точной зависимости мы провели анализ сохранности поросят, полученных от контрольных спариваний маток и хряков при различных вариантах сочетаний генотипов в схемах подбора (таблица 2.49). Было выявлено, что использование в схемах подбора родительских форм с желательным проявлением гена MUC4 (MUC4^{CC} x MUC4^{CC}) позволяет достоверно повысить сохранность поросят за подсосный период, что видно на примере крупной белой породы, разводимой в условиях РСУП «СГЦ «Заднепровский». При наличии аллеля MUC4^G в генотипе как матери, так и отца (MUC4^{CG} x MUC4^{CG}) сохранность поросят к 21 дню жизни достоверно (P<0,05) снижалась на 7,8 проц. пункта, а к отъему – на 7,0 проц. пункта.

Таблица 2.49 Сохранность поросят-сосунков в зависимости от подбора пар с учетом полиморфизма гена MUC4

Генотипы (♀ x ♂)	Колич ест-во опорос ов	Живых поросят при рождении, гол.	Количество поросят на 21 день жизни, гол.	Сохранность поросят с 1 по 21 день жизни, %	Количество поросят к отъему, гол.	Сохранность поросят к отъему, %
БКБП (СПЦ «Залнепровский»)						
MUC4 ^{CC} x MUC4 ^{CC}	19	12,0±0,35	10,5±0,20**	91,6±1,89*	10,4±0,22*	90,7±2,07
MUC4 ^{CC} x MLC4 ^{CG}	6	12,7±0,49	10,7±0,55	87,5±3,56	10,6±0,55	87,5±3,57
MUC4 ^{CG} x MUC4 ^{CC}	45	12,6±0,27	10,2±0,17	86,9±1,39	10,2±0,17	86,3±1,36
MUC4 ^{CG} x MLC4 ^{CG}	15	12,3±0,53	9,7±0,25	83,8±3,07	9,7±0,25	83,7±3,07
БКБП (ПЗ «Порлище»)						
MUC4 ^{CC} x MUC4 ^{CG}	2	10,5±0,50	9,0±0,00	85,9±4,09	9,0±0,00	85,9±4,09
MUC4 ^{CG} x MUC4 ^{CC}	4	12,5±0,50	10,2±0,62	82,3±5,58	9,7±0,85	77,8±5,08
MUC4 ^{CG} x MLC4 ^{CG}	15	11,0±0,50	9,5±0,41	88,3±2,80*	8,9±0,59	82,6±4,83
MUC4 ^{CG} x MUC4 ^{CC}	3	11,7±1,33	10,7±1,20	92,3±7,69	9,7±1,66	83,5±11,42
MUC4 ^{CG} x MUC4 ^{CG}	5	12,2±0,48	10,0±0,31	82,1±0,92	9,2±0,66	75,4±4,50
В среднем по БКБП						
MUC4 ^{CC} x MUC4 ^{CC}	20	11,9±0,36	10,4±0,23	91,5±1,80***	10,3±0,24	90,6±1,97**
MUC4 ^{CC} x MLC4 ^{CG}	8	12,1±0,51	10,2±0,49	87,1±2,73	10,2±0,49	87,1±2,73*
MUC4 ^{CG} x MUC4 ^{CC}	49	12,6±0,25	10,2±0,17	86,5±1,35**	10,1±0,17	85,6±1,34*
MUC4 ^{CG} x MLC4 ^{CG}	30	11,7±0,38	9,6±0,23	86,1±2,08	9,3±0,32	83,2±2,81
MUC4 ^{CG} x MUC4 ^{CC}	3	11,7±1,33	10,7±1,20	92,3±7,69	9,7±1,66	83,5±11,42
MUC4 ^{CG} x MUC4 ^{CG}	5	12,2±0,48	10,0±0,31	82,1±0,92	9,2±0,66	75,4±4,50
БМП (СПЦ «Залнепровский»)						
MUC4 ^{CC} x MUC4 ^{CC}	35	12,1±0,37	10,1±0,15	89,8±1,37	10,0±0,15	89,5±1,38
MUC4 ^{CC} x MLC4 ^{CG}	4	11,5±1,19	9,7±0,47	89,5±3,79	9,7±0,47	89,5±3,79
MUC4 ^{CG} x MUC4 ^{CC}	9	13,0±0,50	10,8±0,27	89,2±2,56	10,8±0,27	89,2±2,56

Повышение сохранности потомства у родителей желательных генотипов положительно повлияло на количество поросят к отъему, которое оказалось достоверно ($P < 0,05$) на 0,7 головы больше в сравнении с сочетанием $MUC4^{CG} \times MUC4^{CG}$. Аналогичная тенденция была и среди животных данной породы, разводимой в условиях ПЗ «Порплище», где сохранность молодняка за подсосный период у родителей с генотипом $MUC4^{CC}$ выросла на 2,4 проц. пункта по сравнению с сочетанием $MUC4^{GG} \times MUC4^{CC}$ и на 10,5 проц. пункта – по сравнению с сочетанием $MUC4^{GG} \times MUC4^{CG}$.

В среднем же по белорусской крупной белой породе сохранность поросят к 21 дню жизни (сочетание генотипов родителей $MUC4^{CC} \times MUC4^{CC}$) было достоверно ($P < 0,001$) выше, чем у сочетания родительских генотипов $MUC4^{GG} \times MUC4^{CG}$ на 9,4 проц. пункта, а к отъему – на 15,2 проц. пункта ($P < 0,01$). Повышенные концентрации аллеля $MUC4^G$ в сочетании родительских форм $MUC4^{GG} \times MUC4^{CC}$ вызвало достоверное снижение сохранности поросят за подсосный период на 11,7 проц. пункта по сравнению с сочетанием $MUC4^{CC} \times MUC4^{CG}$ и на 10,2 проц. пункта по сравнению с $MUC4^{CG} \times MUC4^{CC}$.

Заметных различий между сочетаниями генотипов родительских форм в схемах подбора белорусской мясной породы по сохранности поросят выявлено не было, что связано с общей низкой концентрацией аллеля $MUC4^G$ в генотипах исследуемых животных.

Однако результаты анализа, на примере белорусской крупной белой породы, позволяют утверждать, что на сохранность поросят влияет в заметной степени как генотип матери, так и генотип отца по гену $MUC4$. С преобладанием в схемах подбора генотипов с мутантным аллелем $MUC4^G$ сохранность молодняка значительно и достоверно снижается.

Экономический ущерб состоит не только из снижения сохранности молодняка, но и из снижения энергии роста переболевших животных. Результаты анализа влияния полиморфных групп гена на энергию роста поросят-сосунов представлены в таблице 2.50.

Свиноматки различных генотипов по гену $MUC4$ в целом не имели достоверных различий по крупноплодности. Однако поросята белорусской крупной белой породы, полученные от свиноматок с генотипом $MUC4^{CC}$, к 21 дню жизни имели живую массу, превышающую ($P < 0,05$), массу сверстников, полученных от маток с генотипом $MUC4^{CG}$, на 0,4 кг, или на 6,1 %, а к отъему – на 0,7 кг ($P < 0,01$), или на 7,1 %. Среди поросят белорусской мясной породы превышение массы к отъему составило 0,8 кг ($P < 0,05$), или 8,2 %, соответственно.

Таблица 2.50 – Влияние генотипа свиноматок по гену MUC4 на скорость роста поросят и общую продуктивность свиноматки (РСУП СГЦ «Заднепровский»)

Показатели	БКБП		БМП	
	MUC4 ^{CC}	MUC4 ^{CG}	MUC4 ^{CC}	MUC4 ^{CG}
Количество голов	30	30	30	27
Масса поросенка при рождении, кг	1,5±0,03	1,4±0,03	1,4±0,04	1,5±0,04
Масса поросенка в 21 день, кг	6,5±0,13*	6,1±0,11	5,6±0,08	5,6±0,09
Среднесуточный прирост с 1 по 21 день, г	240,3±6,35	224,1±5,5 3	199,0±3,50	197,4±4,2 2
Масса поросенка при отъеме (35 дн.), кг	9,9±0,15**	9,2±0,13	9,7±0,15*	8,9±0,22
Среднесуточный прирост с 21 по 35 день, г	244,5±7,22*	222,7±6,9 0	288,2±10,02* *	239,3±11,9 1
Среднесуточный прирост за подсосный период, г	241,9±4,50* *	223,6±3,2 1	234,7±4,30* *	214,1±6,0 9
КПВК	103,6±1,20*	98,4±1,84	97,7±1,17	94,7±2,05

Увеличение живой массы поросят к 21 дню жизни и к отъему непосредственно связано с ростом среднесуточных приростов, в связи с чем было установлено, что поросята опытных групп (генотип матерей MUC4^{CC}) характеризовались более высокой энергией роста в сравнении с поросятами контрольных групп (генотип матерей MUC4^{CG}). Так, потомство маток (БКБП) с генотипом MUC4^{CC} превышало по среднесуточному приросту потомков маток с генотипом MUC4^{CG} к 21 дню жизни на 16,2 г, или на 6,7 %, с 21 дня до отъема (35 дней) – достоверно ($P<0,05$) выше на 21,8 г, или на 8,9 %, а за подсосный период – на 18,3 г ($P<0,01$), или на 7,5 %. Положительная тенденция в увеличении среднесуточных приростов потомков маток с генотипом MUC4^{CC} была установлена и среди животных белорусской мясной породы: за первые 21 день жизни – на 1,6 г, или на 0,8 %, с 21 по 35 день – на 48,9 г ($P<0,01$), или на 16,9 %, а за подсосный период в целом – на 20,6 г ($P<0,01$), или на 8,7 %, соответственно.

Свиноматки белорусской крупной белой породы с генотипом MUC4^{CC} достоверно превосходили свиноматок с генотипом MUC4^{CG} по комплексному показателю воспроизводительных качеств на 5,2 проц. пункта ($P<0,05$). Свиноматки белорусской мясной породы имели

аналогичную тенденцию – превосходство у них составило 3 проц. пункта.

Таким образом, было установлено положительное влияние генотипа свиноматок с желательным аллельным сочетанием гена MUC4 (MUC4^{CC}) на сохранность и энергию роста поросят-сосунов.

Как отмечалось ранее, колибактериоз является одним из самых распространенных заболеваний в свиноводческих хозяйствах, требующих значительных денежных затрат на проведение профилактических и лечебных мероприятий, которые на данный момент не могут дать гарантии полного излечения животных.

Использование ПЦР-ПДРФ-анализа для выявления характера полиморфизма гена MUC4 позволяет определить генотипы, устойчивые к данному заболеванию, среди основных хряков и свиноматок белорусской крупной белой и белорусской мясной пород, а также прогнозировать продуктивность и моделировать устойчивые к колибактериозу генотипы последующих поколений, используя в воспроизводстве животных лишь с генотипом MUC4^{CC} (рисунок 2.47).

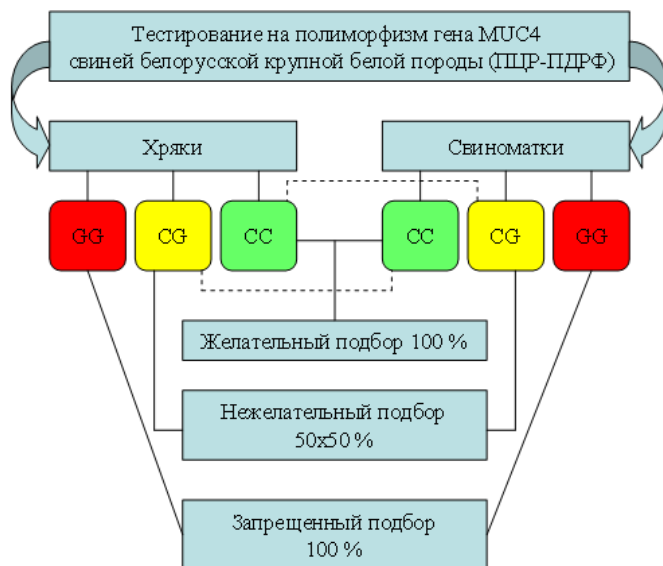


Рисунок 2.47 – Схема подбора на повышение сохранности молодняка

Способ по созданию устойчивых генотипов к колибактериозу включает в себя:

1. Отбор биологического материала (выщипы ушных раковин) для последующего проведения генетического анализа;
2. Непосредственная постановка ПЦР-ПДРФ-анализа на характер полиморфизма гена MUC4;
3. Составление родительских пар в схемах подбора с учётом генотипа, отдавая предпочтение чистым генотипам от мутантного аллеля MUC4^G или ограничиваться сочетанием MUC4^{CG}хMUC4^{CG}.

Данный способ, как показали результаты исследований, позволит достоверно ($P < 0,001$) повысить сохранность поросят белорусской крупной белой породы к 21 дню жизни (сочетание генотипов – MUC4^{CC}хMUC4^{CC}) на 9,4 проц. пункта, а к отъему – на 15,5 ($P < 0,01$) проц. пункта в сравнении с нежелательным сочетанием MUC4^{GG}хMUC4^{CG}; превышение по количеству голов на 21 день подсосного периода и при отъеме при этом составит 0,4 и 1,1 головы, соответственно.

2.7.4.2.2.1. Плейотропное действие гена MUC4

Были проведены исследования по изучению плейотропного действия гена MUC4 на показатели развития свиноматок (таблица 2.51).

Таблица 2.51 – Показатели собственной продуктивности свиноматок крупной белой и белорусской мясной пород различных генотипов по гену MUC4 (РСУП «СГЦ «Заднепровский»)

Показатели	Генотип	
	MUC4 ^{CC}	MUC4 ^{CG}
БКБП		
Количество животных, гол.	29	64
Длина туловища, см	123,6±0,37	123,7±0,17
Среднесуточный прирост, г	510,3±4,67	506,4±3,60
Возраст достижения массы 100 кг, дн.	194,4±1,74	196,1±1,36
Толщина шпика, мм	27,2±0,10	27,2±0,07
БМП		
Количество животных, гол.	60	16
Длина туловища, см	124,4±0,31	123,8±0,54
Среднесуточный прирост, г	528,8±4,41	536,6±7,04
Возраст достижения массы 100 кг, дн.	187,9±1,56	185,0±2,53
Толщина шпика, мм	23,3±0,29	23,5±0,67

В ходе анализа показателей собственной продуктивности свиноматок не было установлено достоверных различий между сравниваемыми группами животных. Однако следует отметить, что свиноматки крупной белой породы с гомозиготным генотипом на 1,7 дня быстрее достигали массы 100 кг, и, соответственно, имели более высокие среднесуточные приросты – на 3,9 г в сравнении с матками генотипа MUC4^{CG}.

Свиноматки белорусской мясной породы имели обратную тенденцию, то есть особи с гетерозиготным генотипом (MUC4^{CG}) достигали 100 кг раньше гомозигот (MUC4^{CC}) на 2,9, а среднесуточные привесы были выше на 7,8 г. По толщине шпика и длине туловища значительных различий не обнаружено. Выявленные ассоциации гена MUC4 с показателями собственной продуктивности свиноматок в основном не имели достоверных отличий.

Поскольку аллель MUC4^G оказывает отрицательное действие на энергию роста и мясные качества приплода, несомненный интерес представляет изучение влияния генотипа хряка по данному гену на откормочные и мясные качества получаемого молодняка. С этой целью нами был проведен сравнительный анализ результатов контрольного откорма (КИСС РСУП «СГЦ «Заднепровский») молодняка свиней в зависимости от генотипа отцов по гену MUC4 (таблица 2.52).

Таблица 2.52 – Ассоциация наличия аллеля MUC4^G в генотипе хряков белорусской мясной породы с откормочными и мясными качествами потомства

Показатели	Генотип	
	MUC4 ^{CC}	MUC4 ^{CG}
Количество потомков	247	41
Откормочные качества		
Скороспелость, дн.	183,8±0,65***	191,9±1,01
Среднесуточный прирост, г	747,4±5,68***	682,6±7,34
Затраты корма на 1 кг прироста, к.ед.	3,50±0,01***	3,73±0,03
Мясные качества		
Длину туши, см	98,9±0,12	98,2±0,34
Толщина шпика, мм	27,2±0,18*	26,3±0,40
Масса задней трети полутуши, кг	11,3±0,03	11,4±0,06
Площадь мышечного глазка, см ²	42,1±0,19*	43,2±0,48
Убойный выход, %	69,2±0,12	69,0±0,43

В ходе анализа было установлено достоверное ($P < 0,001$) снижение среднесуточного прироста у потомков хряков с генотипом $MUC4^{CG}$ в сравнении с потомками генотипа $MUC4^{CC}$ на 64,8 г, или на 8,6 %. Молодняк от отцов с желательным генотипом $MUC4^{CC}$, достоверно ($P < 0,001$) раньше на 8,1 дн. достигал живой массы 100 кг и имел меньшие на 0,23 корм. ед. затраты корма на 1 кг прироста. В свою очередь повышение откормочных качеств у потомства хряков с гомозиготным генотипом $MUC4^{CC}$ привело к достоверному ($P < 0,05$) увеличению толщины шпика на 0,8 мм и уменьшению площади «мышечного глазка» на 1,1 см². По длине туши, массе задней трети полутуши и убойному выходу заметной разницы выявлено не было.

Показатели, позволяющие судить о влиянии полиморфных групп гена $MUC4$ на качество спермопродукции, получаемой от хряков-производителей, приведены в таблице 2.53.

Таблица 2.53 – Влияние полиморфизма гена $MUC4$ на качество спермопродукции хряков-производителей (СГЦ «Заднепровский»)

Генотип	n	Объем эякулята, мл	Густота спермы, баллов	Концентрация спермиев, млн./мл	Выживаемость спермиев, ч
БКБП					
$MUC4^{CC}$	30	200,8±6,40	8,6±0,04	342,0±1,56	176,6±3,09
$MUC4^{CG}$	14	205,0±4,00	8,6±0,04	343,9±2,12	184,4±3,74
БМП					
$MUC4^{CC}$	23	163,8±17,88	8,0±0,03	338,8±2,88	177,2±5,64
$MUC4^{CG}$	5	179,1±8,82	7,9±0,04	334,2±1,85	178,8±6,09

Из данных таблицы следует, что достоверной разницы между показателями качества спермы, исследуемых хряков-производителей различных генотипов по исследуемому гену выявлено не было.

Проанализировав данные по количеству осемененных свиноматок, а также данные по результатам осеменения, мы можем судить об уровне воспроизводительной способности производителей разных генотипов (таблица 2.54). Проведенный анализ эффективности случек показал, что сперма хряков-производителей белорусской крупной белой и белорусской мясной пород, разводимых в СГЦ «Заднепровский», обладает высокой (выше технологической нормы) оплодотворяющей способностью.

В целом же можно заключить, что аллельные проявления гена

MUC4 достоверного влияния на воспроизводительную способность хряков не оказывают.

Таблица 2.54 – Эффективность случек хряков-производителей различных генотипов (СГЦ «Заднепровский»)

Генотип	Осеменено маток, гол.	Выбыло суточных, гол.	Абортировано, гол.	Опоросилось, гол.	Оплодотворимость, %
БКБП					
MUC4 ^{CC}	4262	119	226	3249	84,3±1,13
MUC4 ^{CG}	1814	58	77	1364	82,7±1,44
БМП					
MUC4 ^{CC}	936	9	51	779	90,1±1,18
MUC4 ^{CG}	204	0	7	176	89,6±0,95

2.7.5. Оценка полиморфизма генов-кандидатов ассоциации с мясо-откормочной продуктивностью

2.7.5.1. Влияние полиморфизма гена PIT1 / POU1 F1 на откормочные и мясные качества свиней белорусской крупной белой породы

В настоящее время в мировой селекционной практике широко используются новые подходы, основанные на применении генетических маркеров признаков продуктивности свиней. Это связано с низкой эффективностью классических методов селекции, зачастую отсутствием прогресса популяций или племенной ценности животных в силу отрицательного взаимодействия факторов «генотип-среда». Решение этой важнейшей для практиков проблемы заключается в возможности проведения диагностики непосредственно на уровне генотипа и 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 часто затруднена вследствие неудовлетворительных условий внешней среды и большой вариабельности признаков. В этой связи поиск предпочтительных аллелей генов, обуславливающих повышение откормочных и мясных ка-

честв свиней, приобретает большое значение в селекции. В качестве маркеров продуктивных качеств рассматриваются: ген инсулиноподобного фактора роста 2 (IGF-2); меланинкортин-рецептор 4 (MC4R); гипофизарный фактор транскрипции 1 (PIT1/ POU1F1) и др. [256, с. 285-289].

Темой наших исследований было изучение полиморфизма гена PIT1/ POU1F1 у свиней белорусской крупной белой породы. За рубежом данный ген широко используется в качестве генетического маркера, полиморфизм которого обусловлен наличием двух аллелей – С и D. Анализ имеющихся литературных данных о предпочтительных с точки зрения селекции генотипах противоречивы. Так, результаты китайских исследований показывают, что для местных свиней пород Meishan, Jangquhai и Niang предпочтительным является генотип DD. Свиньи этого генотипа превосходили животных с генотипом CC по скорости роста и имели более низкую толщину шпика [257, с. 313-315]. Исследование же европейских ученых на местных свиньях крупной белой породы показали, что предпочтительным с точки зрения селекции является генотип CC [256].

Исходя из вышеизложенного, целью нашей работы было изучение влияния полиморфизма гена PIT1/POU1F1 на откормочные и мясные качества свиней белорусской крупной белой породы.

Исследования проводились на хряках и их потомках в СГЦ «Заднепровский» и племязаводах «Индустрия» и «Тимоново». Пробы исследовались в лаборатории молекулярной генетики (ВИЖ), где были выделены и оптимизированы тест-системы для анализа полиморфизма генов методом ПЦР-ПДРФ-анализа. По данным исследований установлена частотность встречаемости аллелей гена PIT1/ POU1F1 по породам (рисунок 2.48).

В наших исследованиях [21-А, с.5-7; 65-А, с. 87-89] установлено, что частоты встречаемости аллелей и генотипов гена PIT1/ POU1F1 у свиней белорусской крупной белой породы были следующими (таблица 2.55).

Поскольку показатели встречаемости генотипов и аллелей, а также продуктивности животных в племязаводах были близки, данные по ним были объединены.

Как следует из данных таблицы 2.55, частота встречаемости генотипа DD варьировала от 68,1 % на племязаводах до 30,51 % в СГЦ «Заднепровский». Например, если европейская порода ландрас имеет частоту встречаемости генотипа DD 66,0-85,5 %, то китайские местные породы – 13-17 %.

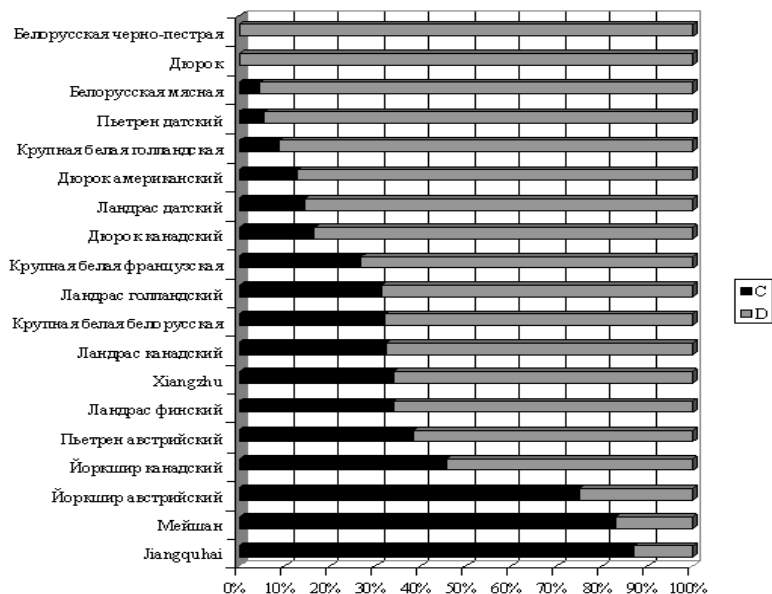


Рисунок 2.48 – Обзорные данные частот аллелей гена *PIT1/POU1F1*

Результаты оценки молодняка белорусской крупной белой породы на контрольном откорме на племязаводах в зависимости от генотипа по гену *PIT1/POU1F1* представлены в таблице 2.56.

Полученные результаты свидетельствуют, что животные с генотипом *CC* превосходили по всем показателям продуктивности, кроме толщины шпика, молодняк с генотипами *CD* и *DD*. Отмеченная тенденция не была достоверной (кроме возраста достижения живой массы 100 кг) предположительно в связи с малой выборкой животных с генотипом *CC* (3 головы).

Для подтверждения полученных результатов были проведены производственные испытания в следующих сериях исследований с большим поголовьем свиней белорусской крупной белой породы в условиях контрольно-испытательной станции по свиноводству (КИСС) СГЦ «Заднепровский».

Таблица 2.55 Распределение частот встречаемости генотипов и аллелей гена PPI POU1F1

Хозяйства	Пол	Число голов	Частоты генотипов, %			Частоты аллелей	
			CC	CD	DD	C	D
Племзаводы	контр.откорм	92	3,3	28,3	68,4	0,17	0,83
СТЦ "Заднепровский"	хр. основные	44	18,2	40,9	40,9	0,39	0,61
-//-	контр.откорм	329	20,1	38,6	41,3	0,39	0,61
-//-	рем.хрячки	133	6,0	42,1	51,9	0,27	0,73
-//-	рем.свинки	243	8,6	60,9	30,5	0,39	0,61
В среднем по породе		841	11,2	42,2	46,6	0,32	0,68

Таблица 2.56 Продуктивность откормочного молодняка белорусской крупной белой породы в зависимости от генотипа PPI POU1F1

Гено-тип	Голов	Возраст достижения живой массы 100 кг, дней	Средне-суточный прирост, г	Затраты корма, к.е.	Длину шн, см	Толщина шпн ка, мм	Масса окорока, кг	Площадь «мышечно-глазка», см ²
CC	3	174,3±2,73*	811±51,2	3,27±0,15	99,3±1,45	33,3±2,33	12,4±0,42	32,2±0,28
CD	26	174,7±1,42	761±8,71	3,48±0,04	99,1±0,47	30,9±1,65	12,2±0,25	32,2±0,39
DD	63	180,0±1,29	751±6,94	3,51±0,03	98,7±0,32	31,5±0,98	12,0±0,17	31,9±0,28

Здесь и далее: разниця с генотипом DD достоверна при: * - P 0,05; *** - P 0,001;

Как свидетельствуют данные таблицы 2.57, что откормочный молодняк свиней крупной белой породы с генотипом СС достоверно ($P < 0,001$) 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 1,7 %; массе окорока – на 2,2 %. Разница по длине туши и толщине шпика была статистически недостоверна.

Представляет интерес изучение показателей по гетерозиготному генотипу CD. Если, согласно таблице 2.57, в целом животные с этим генотипом имели промежуточную продуктивность между носителями СС и DD генотипов, то по данным таблицы 2.58, молодняк с генотипом DD имел тенденцию к превосходству практически по всем показателям продуктивности по сравнению с генотипом CD. Однако все отмеченные различия были статистически недостоверны.

Результаты исследований ремонтного молодняка по вариантам гена PIT1/POU1F1 представлены в таблице 2.58.

Как свидетельствуют данные таблицы, как у хрячков, так и у свинок селекционной части ремонтного стада, по результатам элеверной оценки и контрольного выращивания, подтверждается ранее обозначенная устойчивая тенденция к снижению возраста достижения живой массы 100 кг и к повышению среднесуточного прироста живой массы у животных, несущих генотип СС по сравнению с аналогами с генотипом DD.

На основании проведенных исследований необходимо сделать следующие выводы:

1. Откормочный молодняк БКБ породы с генотипом СС статистически достоверно ($P < 0,05$; $P < 0,001$) превосходит аналогов с генотипом DD по возрасту достижения живой массы 100 кг, среднесуточному приросту живой массы, затратам корма на 1 кг прироста и массе окорока. По толщине шпика существенной разницы между генотипами CD и DD не установлено.

2. Полученные в наших исследованиях результаты диаметрально противоположны данным китайских исследователей, где животные местных пород с генотипом DD превосходили по энергии роста свиней с генотипом СС. Частота встречаемости аллелей тоже существенно различается: С – 0,83-0,87; D – 0,17-0,13 у китайских свиней и С – 0,32 и D – 0,68 у белорусской крупной белой породы.

3. Закономерности, выявленные в процессе исследований, позволяют заключить, что можно рассматривать ген PIT1/POU1F1 как генетический маркер скорости роста свиней белорусской крупной белой породы.

Таблица 2.57 Продуктивность молодянка белорусской крупной белой породы на контрольном откорме с различными генотипами гена P171 POU1F1

Гено-тип	Голов	Возраст достижения живой массы 100 кг, дней	Среднесуточный прирост, г	Заграты корма, к.ед.	Длина туши, см	Толщина шпика, мм	Масса окорока, кг
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

Таблица 2.58 Влияние генотипа хряков белорусской крупной белой породы по гену P171 POU1F1 на показатели развития ремонтных хрячков и свинок в условиях СЦ «Заднепровский»

Гено-тип	Голов	Возраст достижения живой массы 100 кг, дней	Среднесуточный прирост от рождения до 100 кг	30-100 кг	Длина туловища, см	Толщина шпика, мм	Селекционный индекс, баллов
CC	8	169,6±3,47	585±12,0	1124±61,6	123±0,41	25,0±0,27	129,8±4,92
CD	56	176,0±1,71	565±5,71	1022±35,0	123±0,24	25,8±0,14	124,9±1,34
DD	69	176,0±1,68	567±5,32	1044±25,3	124±0,24	25,8±0,12	128,4±1,29
							свинки
CC	21	199,5±1,66	497±4,23	754±14,4	122±0,41	23,3±0,19	125,2±3,05
CD	148	207,6±1,22	479±2,94	706±10,3	123±0,16	24,0±0,18	125,2±1,02
DD	74	201,9±1,29	491±3,12	740±9,51	123±0,22	23,2±0,16	126,5±1,45

2.7.5.2. Оценка полиморфизма гена IGF-2 в ассоциации с мясо-откормочной продуктивностью и разработка метода селекции

Для быстрого повышения генетического потенциала отечественных пород свиней по мясо-откормочным качествам и получения конкурентоспособной свинины необходимо применять совместно с методами классической селекции – маркерную, учитывающую полиморфизм генов-маркеров продуктивных качеств [200]. В этой связи возникла потребность в разработке и широком применении методов ДНК-технологии в селекции в комплексе с классическими методами. 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 [50; 156, с. 274-278].

В качестве маркеров продуктивных качеств рассматриваются: гипофизарный фактор транскрипции (POU1F1), ген инсулиноподобного фактора роста (IGF-2), меланинкортин-рецептор (MC4R) и др. [78, с. 12-14; 200, с. 157-158; 238, с. 155-156; 264, 256, 257].

Проведенные исследования показали, что на откормочные и мясные качества свиней в большей степени влияет наличие в геноме животных гена инсулиноподобного фактора роста (IGF-2) по сравнению с другими аналогичными маркерами.

Ранее установлено, что мутация в гене IGF-2 (q→Q) существенно влияет на скорость роста и отложение жира у свиней. Следует учитывать, что данный ген характеризуется патермальным действием на продуктивность. Это означает, что у потомства проявляется действие только того аллеля, который был получен от отца. Патермальное действие гена существенно облегчает разработку селекционной стратегии, так как для достижения положительного эффекта у потомства достаточно проведения тестирования и отбора только хряков [50, 156].

Исследования проводились на хряках, ремонтных хрячках и откормочном поголовье свиней белорусской крупной белой породы в условиях селекционно-гибридного центра «Заднепровский» Оршанского района Витебской области. Мясо-откормочные качества молодняка оценивались методом контрольного откорма (ОСТ 103-86, 1988). У опытных животных пробы генетического материала отбирали с ушной раковины, из которых в лаборатории молекулярной генетики (ВИЖ)

были выделены и оптимизированы тест-системы для анализа полиморфизма генов методом ПЦР-ПДРФ-анализа. Статистическую обработку проводили по стандартной методике (Меркурьева и др., 1991). Процент выхода «красного мяса» ремонтных хрячков определяли прибором «Piglog-105».

В наших исследованиях [8-А, 9-А, 11-А, 19-А; 20-А, с. 338-340; 22-А, с. 27-30; 71-А, 76-А, 78-А, 80-А, 83-А, 95-А, 96-А] был проведен сравнительный анализ частот встречаемости генотипов и аллелей генов IGF-2 у животных белорусской крупной белой породы и некоторых пород мясного направления продуктивности (таблица 2.59).

Таблица 2.59 – Распределение частот встречаемости генотипов гена IGF-2 у хрячков плановых пород Беларуси

Порода	n	Частота генотипов, %			Частота аллелей	
		QQ	Qq	qq	Q	q
белорусская крупная белая	39	15,4	38,4	46,2	0,34	0,66
белорусская мясная	35	25,7	20,0	54,3	0,36	0,64
ландрас	8	62,5	25,0	12,5	0,75	0,25
дюрок	16	87,5	12,5	-	0,94	0,06
йоркшир	23	95,7	4,3	-	0,98	0,02

Результаты оценки хрячков белорусской крупной белой породы на элевере в зависимости от генотипа отца по гену IGF-2 представлены в таблице 2.60.

Анализ данных таблицы показал, что хрячки с генотипом QQ достоверно превосходили ($P < 0,05$) своих сверстников с генотипом qq по толщине шпика над 6-7 грудными позвонками на 2,8 мм, или 11,3 %, и площади «мышечного глазка» - на 3,6 см², или 9,2 %. Также у них отмечена тенденция к снижению толщины шпика над 1-2 поясничными позвонками – на 2,9 мм, или 16,2 %, повышению выхода «красного мяса» – на 3,3 %. Уровень развития хрячков с генотипом Qq носил промежуточный характер.

Результаты оценки молодняка белорусской крупной белой породы на контрольном откорме в зависимости от генотипа отца по гену IGF-2 представлены в таблице 2.61. Данные таблицы показывают, что откормочный молодняк свиной белорусской крупной белой породы с генотипом QQ достоверно превосходил животных с генотипом qq: по возрасту достижения живой массы 100 кг – на 4,8 дня, или 2,6 % ($P <$

Таблица 2.60 – Оценка развития хрячков белорусской крупной белой породы в зависимости от генотипа отца по гену IGf-2

Генотипы	Голов	Возраст достижения живой массы 100 кг, дней	Длина туловища, см	Толщина шпика, мм		Площадь «м/г», см ²	Прижиженная оценка, % «красного мяса»
				6-7 грудной позвонок	1-2 поясничный позвонок		
QQ	6	161,8±2,23	121,8±0,40	21,8±1,05*	15,0±2,42	42,5±1,06*	54,0±2,14
Qq	15	159,0±2,07	122,4±0,45	23,1±0,86	16,4±1,11	39,9±0,87	53,1±1,06
qq	18	163,3±2,36	122,5±0,49	24,6±0,83	17,9±1,23	38,9±0,86	50,7±1,07

Примечание: здесь и далее различия с генотипом qq достоверны при: **P* 0,05; ***P* 0,01; ****P* 0,001

Таблица 2.61 – Продуктивность откормочных матовидка белорусской крупной белой породы в зависимости от генотипа отца по гену IGf-2.

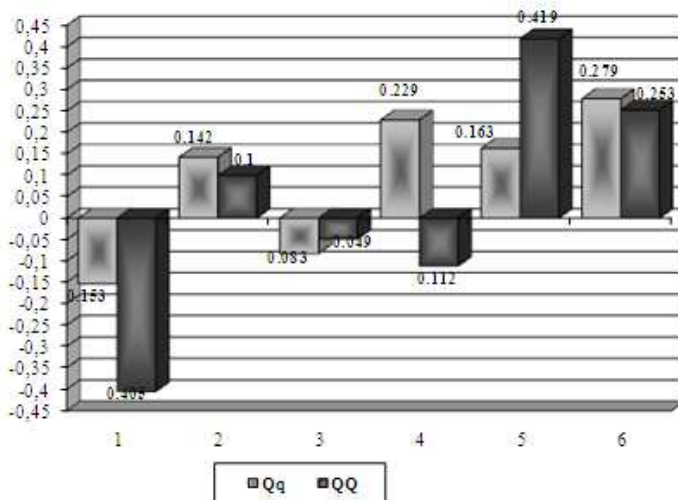
Генотипы	п	Возраст. м. 100 кг, дней	С/с прирост, г	Затраты корма, к. ед.	Длина туши, см	Толщина шпика, мм	Площадь «м/г», см ²	Масса окорока, кг	Убойный выход, %
QQ	18	177,5**	742*	3,54	98,2***	26,3***	41,7***	11,2*	68,0**
Qq	33	178,5	756***	3,43	98,6***	27,0***	42,1***	11,35***	68,3***
qq	136	182,3	731	3,54	97,6	28,1	40,8	11,08	67,3

Примечание: различия с генотипом qq достоверны при: **P* 0,05; ***P* 0,01; ****P* 0,001

0,001), среднесуточному приросту живой массы – на 11 г, или 1,5 % ($P < 0,05$), длине туши – на 0,6 см, или 0,6 % ($P < 0,001$), толщине шпика – на 1,8 мм, или 6,4 % ($P < 0,001$), площади «мышечного глазка» - на 0,9 см², или 2,2 % ($P < 0,001$), массе задней трети полутуши – на 0,12 кг, или 1,1 % ($P < 0,05$).

Животные-носители гетерозиготного генотипа Qq также статистически достоверно ($P < 0,001$) превосходили своих аналогов с генотипом qq по среднесуточным приростам живой массы, длине туши, толщине шпика, площади «мышечного глазка», массе задней трети полутуши.

В ходе анализа корреляции генотипов хряков с откормочными и мясными качествами потомства (рисунок 2.48) установлена отрицательная связь генотипа IGF-2^{Qq} с возрастом достижения 100 кг живой массы и затратами корма на 1 кг прироста потомками и положительная с такими показателями мясных качеств как площадь «мышечного глазка» и масса окорока.



Примечание: 1. Возраст достижения 100 кг живой массы, кг; 2. Среднесуточный прирост, г; 3. Затраты корма, корм.ед.; 4. Толщина шпика, мм; 5. Площадь «мышечного глазка», см²; 6. Масса окорока, кг

Рисунок 2.48 – Взаимосвязь концентрации аллеля IGF-2^Q в генотипах хряков белорусской крупной белой породы с откормочными и мясными качествами потомства

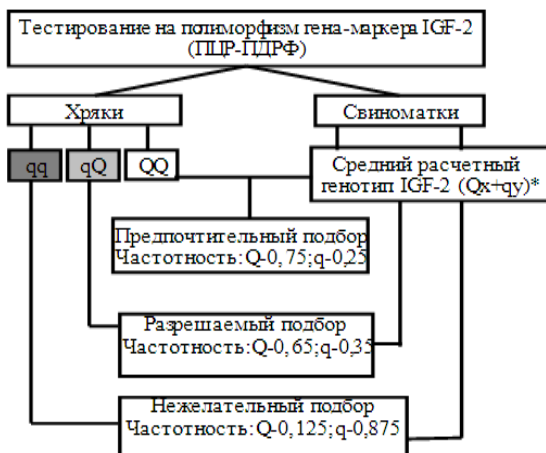
Однако необходимо отметить, что предпочтительный гомозиготный генотип хряков IGF-2QQ позволяет сдвинуть установленные взаимосвязи в желательную сторону. На примере хряков белорусской крупной белой породы данный генотип позволяет сократить возраст достижения 100 кг живой массы потомства на 0,252 коэффициент относительно генотипа IGF-2Qq по площади «мышечного глазка» – на 0,256.

Как следует из таблицы 2.59, частота встречаемости предпочтительного с точки зрения повышения откормочных и мясных качеств аллеля Q наиболее высока у животных мясных пород (йоркшир, дюрок, ландрас) и значительно более низкая у материнской породы – белорусской крупной белой. По некоторым данным, аллель q гена IGF-2 положительно взаимосвязан с воспроизводительными качествами свиноматок. Поэтому отбор только по воспроизводительным качествам приводит к вымыванию желательного аллеля Q из популяции, и, следовательно, к снижению откормочных и мясных качеств.

В практической селекции очень важно учесть тот факт, что данный признак имеет патернальный (отцовский) характер прямого доминантного наследования у потомков и поэтому достаточно незначительных практических усилий и финансовых затрат, чтобы получить эффект селекции по мясо-откормочным качествам. Например, при использовании в воспроизводстве молодняка хряков только с генотипами Qq и QQ по гену инсулиноподобного фактора роста (IGF-2) позволит увеличить среднесуточные приросты (даже в I поколении) на 40-80 г, что, в конечном счёте, повысит экономическую эффективность на 3,5-7,6 у.е. на 1 голову реализуемого молодняка за счёт более высокой скорости его роста, лучшей конверсии корма и качества свинины.

Учитывая мировую тенденцию широкого использования данного генетического маркера в программах селекции необходимо проводить скрининг гена IGF-2 и у хрякопроизводящих маток на супернуклеусах с целью предпочтительного подбора родителей для получения потомков желательного генотипа – QQ. Это позволит в кратчайшие сроки создать резервные заводские популяции с высокой генетической детерминацией мясо-откормочных качеств племенного и откормочного молодняка.

Основываясь на вышеизложенных результатах, мы предлагаем схему подбора (рисунок 2.49), учитывающую только односторонний скрининг по хрякам, позволяющую рассчитать уровень частотности аллелей маток с целью повышения мясо-откормочных качеств их потомков для пользователей всех уровней.



Примечание: * - расчетное значение долей аллелей, в данном случае: $Q=0,36$; $q=0,64$.

Рисунок 2.49 – Способ повышения мясо-откормочных качеств свиней при использовании гена-маркера IGF-2

С помощью исследователей ВИЖ [78, с.12-14] был проведен сравнительный анализ частотности аллелей гена IGF-2 различных пород свиней (рисунок 2.50). В результате установлено, что на первом этапе наших исследований (2007 год) белорусская крупная белая и другие отечественные породы свиней значительно уступали лучшим мировым аналогам по наличию предпочтительного аллеля Q (менее 20 %). За последние пять лет были предприняты значительные усилия селекционного и генетического характера, в результате которых удалось увеличить экспрессию предпочтительного аллеля в генотипах животных вдвое – до 36-40 %. Представленные выше данные и подтверждают этот положительный тренд. В результате внедрения данного метода эффект селекции по мясу откормочным качествам увеличился в 1,5-4,0 раза (по с/с приростам – до 40-50 г за поколение). В дальнейшем работе в этом направлении следует усилить и выйти на лучшие аналоговые параметры французской крупной белой породы (частотность Q-0,9).

В результате исследования влияния полиморфизма гена IGF-2 на откормочные и мясные качества свиней белорусской крупной белой породы установлено:

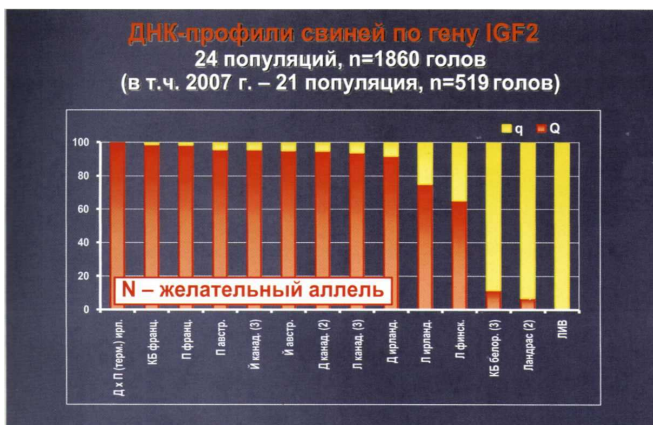


Рисунок 2.50 – Анализ частоты встречаемости аллелей гена IGF-2 у свиней различных генотипов.

1. Хрячки белорусской крупной белой породы, несущие в своем генотипе QQ, достоверно превосходили ($P < 0,05$) или имели тенденцию к превосходству своих аналогов с генотипом qq: по толщине шпика – на 11,3 %, площади «мышечного глазка» - на 9,2 %, выходу «красного мяса» – на 3,3 %. Развитие хрячков с генотипом Qq носило промежуточный характер.

2. Отмечена достоверная ($P < 0,05$; $P < 0,01$; $P < 0,001$) тенденция превосходства откормочного молодняка белорусской крупной белой породы с генотипом QQ гена IGF-2 над своими аналогами с генотипом qq по: возрасту достижения живой массы 100 кг – на 2,6 %, среднесуточному приросту живой массы – на 1,5 %, длине туши – на 0,6 %, толщине шпика – на 6,4 %, площади «мышечного глазка» - на 2,2 %, массе задней трети полутуши – на 1,1 %, убойному выходу – на 0,7 %.

3. Дополнительный экономический эффект от использования в воспроизводстве хрячков с генотипами Qq и QQ составляет 3,5-7,6 у.е. на каждую реализуемую голову их молодняка.

В заключение следует отметить, что ген IGF-2 необходимо использовать в качестве маркера мясной и откормочной продуктивности свиней. Учитывая частотность нежелательного аллеля q в геноме свиней белорусской крупной белой породы (0,66) с целью сохранения и повышения мясных и откормочных качеств свиней, следует рекомендовать проведение отбора ремонтных хрячков с использованием в качестве дополнительного критерия данные анализа по IGF-2.

2.7.5.3. Комплексный метод повышения откормочных и мясных качеств свиней БКБ породы на основе молекулярной генной диагностики

В настоящее время, в связи с развитием молекулярной генетики и биологии, появилась возможность идентификации генов, напрямую или косвенно связанных с хозяйственно-полезными признаками (геномный анализ). Выявление предпочтительных, с точки зрения селекции, вариантов таких генов у свиней позволяет, наряду с традиционным отбором по фенотипу, проводить селекцию непосредственно на уровне ДНК (маркер-зависимая селекция) [13, с. 53-55; 156, с. 274-278].

Такая селекция имеет ряд преимуществ перед традиционной. Она не учитывает изменчивость хозяйственно-полезных признаков, обусловленную внешней средой, делает возможной оценку животных в раннем возрасте независимо от пола и в результате повышает эффективность селекции и сокращает сроки выполнения заданных уровней продуктивности.

Разработан достаточно широкий набор методик, позволяющий определить спектр генов-кандидатов, полиморфные варианты которых оказывают прямое или косвенное влияние на реализацию признаков продуктивности свиней.

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: гипофизарный фактор транскрипции (POU1F1), меланинкортин-рецептор (MC4R), ген инсулиноподобного фактора роста (IGF-2) и др.

Полиморфизм гена POU1F1 обусловлен наличием двух аллелей – С и D. Как уже было сказано выше, мнения зарубежных ученых о предпочтительных, с точки зрения селекции, генотипах данного гена носят противоречивый характер. Например, результаты китайских исследователей показывают, что для местных свиней пород Meishan, Jangquhai и Xiangzhu предпочтительным является генотип DD. Исследования же европейских ученых на местных свиньях крупной белой породы показали, что предпочтительным по скорости роста является генотип CC [256, 257, 78, 29, 156].

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 [263, с. 1089-1098].

Ген IGF-2 участвует в широком спектре метаболических, митогенных и дифференцирующих процессах на эмбриональных тканях и плаценте, аутокринная секреция IGF-2 играет главную роль в дифференцировке клеток скелетной мышцы. Исследования, проведенные датскими учеными, показали, что мутация в гене IGF2 (q→Q) существенно влияет на скорость роста и отложение жира у свиней. Было установлено, что данный ген характеризуется патернальным действием на продуктивность. Это означает, что у потомства проявляется действие только того аллеля, который был получен от отца. Патернальное действие гена существенно облегчает разработку селекционной стратегии, так как для достижения положительного эффекта у потомства достаточно проведения тестирования и отбора только хряков [238, с. 155-156].

В 2008-2009 гг. была проведена серия исследований по генотипированию животных и оценке мясо-откормочных качеств молодняка свиней белорусской крупной белой породы:

- проведено генетическое тестирование животных по генам – POU1F1, MC4R и IGF-2;

- оценена взаимосвязь полиморфных вариантов генов-кандидатов с мясо-откормочными качествами свиней. Выявлено, что в большей степени на откормочные и мясные качества свиней белорусской крупной белой породы влияет наличие в геноме животных полиморфизма гена IGF-2.

Цель настоящих рекомендаций – оказать методическую помощь в выполнении работ, направленных на повышение откормочных и мясных качеств свиней белорусской крупной белой породы на основании селекционного отбора с использованием метода молекулярной генной диагностики ПЦР-ПДРФ (полимеразно-цепной реакции полиморфных длин рестрикционных фрагментов).

Исследования проводились на основных и ремонтных хряках, а также на откормочном поголовье свиней белорусской крупной белой породы в условиях племзавода «Индустрия», РУСП «Племзавод «Тимоново», РСУП «СГЦ «Заднепровский». В качестве исходного материала использовались пробы ткани из ушной раковины свиней. Из образцов выделялись и оптимизировались ДНК-маркеры для последующего анализа в лабораториях молекулярной генетики (ВИЖ) и генетики (РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству»).

Первый этап исследований. Проведенные молекулярно-генетические исследования проб ДНК свиней белорусской крупной белой породы позволили выявить частоты встречаемости аллелей и генотипов генов откормочных и мясных качеств: POU1F1, MC4R и IGF-2.

Частоты встречаемости аллелей и генотипов гена PIT1/ POU1F1 у свиней белорусской крупной белой породы представлены в таблице 2.62.

Как следует из данных таблицы, частота встречаемости генотипа DD у животных породы варьировала от 30,5 % в СГЦ «Заднепровский» до 68,8-71,1 % на племязаводах. Для сравнения, если порода ландрас европейской селекции имеет частоту генотипа DD – 66,0-85,5%, то китайские местные породы – 13-17 %. Частота встречаемости желательного аллеля С у свиней белорусской крупной белой породы в среднем составляет 0,29 %.

Частоты встречаемости генотипов и аллелей гена MC4R представлены в таблице 2.63. Согласно данным таблицы, частота встречаемости предпочтительного генотипа ВВ у свиней белорусской крупной белой породы варьирует от 22,2 % (п/з «Индустрия») до 79,5 % (СГЦ «Заднепровский»). Полученные результаты согласуются с данными М. Chen, А. Wang и др. [467].

Частоты встречаемости генотипов и аллелей гена IGF-2 представлены в таблице 2.64. Как следует из данных таблицы, у свиней белорусской крупной белой породы частота встречаемости предпочтительного с точки зрения повышения откормочных и мясных качеств аллеля Q низка и варьирует от 0,02 до 0,22 %.

Была поставлена задача: оценить взаимосвязь полиморфных вариантов генов-кандидатов установить влияние с мясо-откормочными качествами молодняка свиней.

Результаты оценки молодняка свиней белорусской крупной белой породы на контрольном откорме на контрольно-испытательной станции СГЦ «Заднепровский» в зависимости от генотипов по генам POU1F1, IGF-2 и MC4R представлены в таблице 2.65. Анализ данных таблицы показал, что откормочный молодняк свиней белорусской крупной белой породы с генотипом СС 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.

Таблица 2.62 – Распределение частот встречаемости генотипов и аллелей гена PTTI POU1F1

Хозяйства	Пол	Число голов	Частоты генотипов, %			Частоты аллелей		
			CC	CD	DD	C	D	D
п/з «Индустрия»	контр.откорм	45	2,2	26,7	71,1	0,15	0,15	0,85
	контр.откорм	50	4,0	28,0	68,8	0,18	0,18	0,82
СПЦ «Заднепровский»	хр. основные	44	18,2	40,9	40,9	0,39	0,39	0,61
	контр.откорм	329	20,1	38,6	41,3	0,39	0,39	0,61
-//-	рем.хрячки	133	6,0	42,1	51,9	0,27	0,27	0,73
-//-	рем.свинки	243	8,6	60,9	30,5	0,39	0,39	0,61

Таблица 2.63 – Распределение частот встречаемости генотипов и аллелей гена MCR у свиней белорусской крупной белой породы

Хозяйства	Пол	Число голов	Частоты генотипов, %			Частоты аллелей		
			AA	AB	BB	A	B	B
п/з «Индустрия»	контр.откорм	45	24,4	53,4	22,2	0,51	0,51	0,49
	контр.откорм	50	4,0	26,0	70,0	0,17	0,17	0,83
СПЦ «Заднепровский»	хр. основные	44	-	20,5	79,5	0,10	0,10	0,90

Таблица 2.64 – Частоты встречаемости генотипов и аллелей гена IGF-2

Хозяйства	Пол	Число голов	Частоты генотипов, %			Частоты аллелей		
			qq	Qq	QQ	q	Q	Q
п/з «Индустрия»	контр.откорм	45	75,6	24,4	-	0,88	0,12	0,12
	контр.откорм	50	96,0	4,0	-	0,98	0,02	0,02
СПЦ «Заднепровский»	хр. основные	44	56,8	43,2	-	0,78	0,22	0,22

Таблица 2.65 Продуктивность откормочного молодняка свиней белорусской крупной породы в зависимости от генотипов генов POU1F1, IGF-2 и MC4R

Генотипы	Голов	Возраст достижения живой массы 100 кг, дней	Среднесуточный прирост, г	Затраты корма на 1 кг прироста, к.ед.	Длина туши, см	Толщина шпика, мм	Масса задней трети полутуши, кг
POU1F1							
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
IGF-2							
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
MC4R							
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

Примечание: разница с генотипом DD достоверна при: **- P < 0,01

Представляет интерес изучение показателей по гетерозиготному генотипу CD. 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. Изучение полученных достаточно противоречивых данных требует дополнительного исследования.

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 – на 1,12 % при недостоверной разнице.

При сравнении животных с генотипами qq и Qq (генотипа QQ зафиксировано не было) 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 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.

Представляет интерес 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. Исследовалось 8 сочетаний генотипов различных полиморфных групп животных БКБ породы в комбинации трех тестируемых генов. В таблице 2.66 представлены данные о взаимосвязи сочетаний генотипов исследуемых генов с откормочными и мясными качествами молодняка белорусской крупной белой породы. Анализ данных таблицы показал, что различные сочетания генотипов генов IGF-2, POU1F1 и MC4R в геноме изучаемых животных оказывают определенное и различное влияние на показатели их откормочной и мясной продуктивности.

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 ($P < 0,01$) превосходит 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 %.

Таблица 2.66 – Результаты контрольного откорма сашей белорусской крупной белой породы в зависимости от сочетаний генотипов генов IGF-2, POU1F1 и MCR

Сочетание генов	Число голов, п	Возраст достижения живой массы 100 кг, дней	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**	798**	3,36**	97,6	26,9	11,1
Qq-CD-BB	28	184,0**	739**	3,49**	98,1	25,7	10,9
Qq-DD-BB	12	185,0**	737**	3,44**	98,6	26,0	11,1
qq-CC-BB	21	187,9**	709**	3,59**	96,9	28,0	11,3
qq-CD-BB	12	189,0	705	3,56	97,7	26,0	10,6
qq-DD-BB	49	190,0	695	3,60	97,6	25,0	10,8
qq-CD-AB	12	192,0	676	3,64	98,5	25,0	11,0
qq-DD-AB	10	191,0	673	3,78	97,0	27,0	11,3

Примечание: разница с генотипами qq-CD-AB и qq-DD-AB достоверна при: **- P 0,01

Динамика изменений среднесуточных приростов живой массы откормочного молодняка белорусской крупной белой породы в зависимости от сочетаний генотипов отражена на рисунке 2.51.

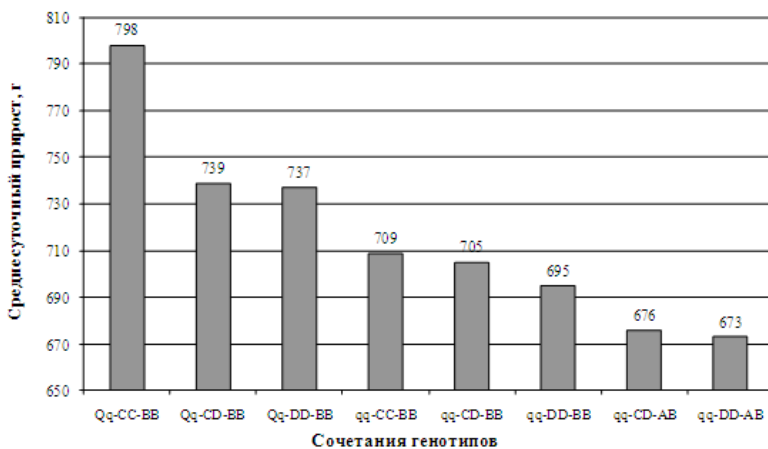


Рисунок 2.51 – Энергия роста молодняка на контрольном откорме в зависимости от сочетаний генотипов генов IGF-2, POU1F1 и MC4R

Следует отметить, что, согласно полученным результатам исследований, 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 (сочетание Qq-CC-BB), то с генотипом qq – 709 г (сочетание qq-CC-BB) при одинаковых составах генотипов (CC и BB) генов POU1F1 и MC4R.

Что касается мясных качеств, то достоверных различий между генотипами различных сочетаний генов IGF-2, POU1F1 и MC4R у исследуемых животных выявлено не было.

Таким образом, 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). Исходя из вышеизложенного, из всех исследуемых генов можно рекомендовать проводить тестирование только по гену IGF-2, что значительно упростит и удешевит исследовательскую работу. Следует также отметить, что положитель-

ное действие аллеля Q у данного гена проявляется у потомков только в случае наследования его у отца.

Второй этап исследований. Во втором этапе исследований была поставлена задача: разработать методику, направленную на повышение мясо-откормочных качеств молодняка свиней белорусской крупной белой породы с использованием гена-маркера IGF-2.

Был проведен сравнительный анализ частот встречаемости генотипов и аллелей гена IGF-2 у животных белорусской крупной белой породы и некоторых пород мясного направления продуктивности (таблица 2.67, рисунок 2.52).

Таблица 2.67 – Распределение частот встречаемости генотипов гена IGF-2 у хряков плановых пород Беларуси

Порода генотип	n	Частота генотипов, %			Частота аллелей, %	
		QQ	Qq	qq	Q	q
Крупная белая	39	15,4	38,4	46,2	0,34	0,66
Белорусская мясная	35	25,7	20,0	54,3	0,36	0,64
Ландрас	8	62,5	25,0	12,5	0,75	0,25
Дюрок	16	87,5	12,5	-	0,94	0,06
Йоркшир	23	95,7	4,3	-	0,98	0,02

Как следует из данных таблицы 2.67, частота встречаемости предпочтительного с точки зрения повышения откормочных и мясных качеств аллеля Q наиболее высока у животных мясных пород (йоркшир, дюрок, ландрас) и значительно более низкая у материнской породы – белорусской крупной белой. Следует отметить, что по сравнению с первым этапом исследований частота встречаемости аллеля Q у животных породы возросла на 0,10 % в связи с проводимой селекционной работой. По некоторым данным, аллель q гена IGF-2 положительно связан с воспроизводительными качествами свиноматок. Поэтому отбор только по воспроизводительным качествам приводит к вымыванию желательного аллеля Q из популяции, и, следовательно, к снижению откормочных и мясных качеств.

Следовательно, с целью повышения мясо-откормочных качеств молодняка свиней крупной белой породы необходимо проводить тестирование основного стада хряков, выявляя при этом животных с генотипами QQ и Qq.

Сущность метода. Основной принцип метода состоит в проведении селекционной работы, направленной на повышение откормочных

и мясных качеств молодняка свиней белорусской крупной белой породы с использованием ПЦР-ПДРФ. При этом оценка животных осуществляется на основании результатов ПЦР-ПДРФ и анализа полиморфных вариантов гена IGF-2, выявления хряков и ремонтных хрячков с генотипами Qq и QQ, их отбора и закрепления за свиноматками породы, создание резервных популяций.

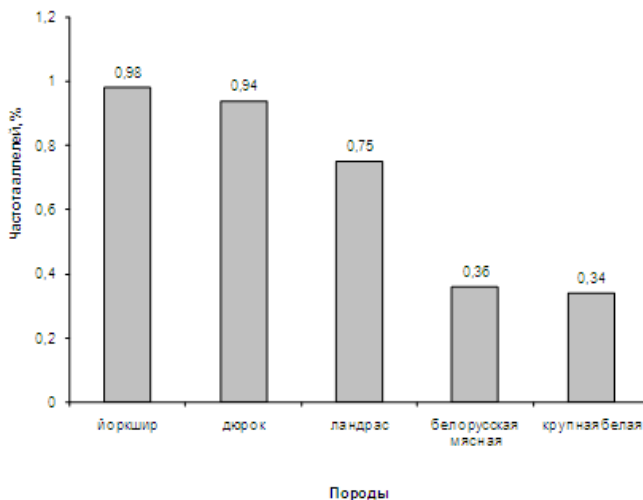


Рисунок 2.52 – Распределение аллеля Q гена IGF-2 у хряков плановых пород Беларуси

Метод осуществляется следующим образом: в качестве исходного материала отбираются пробы генетического материала из ушной раковины свиней. Из образцов выделяется ДНК для последующего анализа полиморфизма гена IGF-2 методом ПЦР-ПДРФ. При анализе полиморфизма гена IGF-2 определяются его генотипы (qq; Qq; QQ). При этом в процессе селекционной работы проводится отбор ремонтных хрячков и хрячков-производителей с предпочтительными генотипами (Qq и QQ). Эти животные используются в селекционной программе по повышению откормочных и мясных качеств потомства и являются резервной (ведущей) частью популяции.

Пример конкретного выполнения. Применительно к конкретному производственному объекту выполнялся ряд мероприятий.

Исследования влияния генотипов гена IGF-2 на мясные и откормочные качества проводились на ремонтных хрячках и хрячках-

производителях крупной белой породы в условиях РСУП «СГЦ «Заднепровский» Витебской области. Оценка хрячков на элевере проводилась с использованием ультразвукового прибора для определения мясности прижизненно – Piglog-105 («SFK Technology», Дания).

Результаты оценки хрячков крупной белой породы на элевере в зависимости от генотипа отца по гену IGF-2 представлены в таблице 2.68. Анализ данных таблицы показал, что хрячки с генотипом QQ достоверно превосходили ($P < 0,05$) своих сверстников с генотипом qq по толщине шпика над 12-13 грудными позвонками на 2,8 мм, или 11,3%, и высоте сечения длиннейшей мышцы спины – на 3,6 мм, или 9,2 %. Также у них аналогично отмечена тенденция к снижению толщины шпика над 3-4 поясничными позвонками – на 2,9 мм, или 16,2%, повышению выхода постного мяса – на 3,3 %.

Уровень развития хрячков с генотипом Qq носил промежуточный характер.

Результаты оценки молодняка свиней белорусской крупной белой породы на контрольном откорме в зависимости от генотипа отца по гену IGF-2 представлены в таблице 2.69. Анализ данных таблицы показал, что откормочный молодняк свиней белорусской крупной белой породы с генотипом QQc высокой степенью достоверности превосходил животных с генотипом qq: по возрасту достижения живой массы 100 кг – на 4,8 дня, или 2,6 % ($P < 0,001$); среднесуточному приросту живой массы – на 11 г, или 1,5 % ($P < 0,05$); длине туши – на 0,6 см, или 0,6 % ($P < 0,001$); толщине шпика – на 1,8 мм, или 6,4 % ($P < 0,001$); площади «мышечного глазка» - на 0,9 см², или 2,2 % ($P < 0,001$); массе задней трети полутуши – на 0,12 кг, или 1,1 % ($P < 0,05$); убойному выходу – на 0,7 % ($P < 0,01$).

Животные-носители гетерозиготного генотипа Qq также статистически достоверно ($P < 0,001$) превосходили своих аналогов с генотипом qq по среднесуточным приростам живой массы, длине туши, толщине шпика, площади «мышечного глазка», массе задней трети полутуши и убойному выходу.

Для проверки результатов исследований была проведена производственная проверка эффективности разработанного метода (акт прилагается). Полученные данные подтверждают эффективность использования гена IGF-2 в качестве генетического маркера откормочных и мясных качеств свиней белорусской крупной белой породы. Общий экономический эффект, полученный от внедрения данной разработки в расчете на 100 голов откормочного молодняка свиней белорусской крупной белой породы, составил 2360 тыс. рублей, или 830,8 у.е.

Таблица 2.68 – Оценка развития хрячков белорусской крупной породы в зависимости от генотипа отца по гену IG1-2

Гено- типы	Голов	Возраст достижения живой массы 100 кг, дней	Длина туловища, см	Толщина шпика, мм		Высота сече- ния длинной шей мышцы спины, мм	Выход постного мяса, %
				12-13 грудной позвонок	3-4 пояснич- ный позвонок		
QQ	6	161,8±2,23	121,8±0,40	21,8±1,05*	15,0±2,42	42,5±1,06*	54,0±2,14
Qq	15	159,0±2,07	122,4±0,45	23,1±0,86	16,4±1,11	39,9±0,87	53,1±1,06
qq	18	163,3±2,36	122,5±0,49	24,6±0,83	17,9±1,23	38,9±0,86	50,7±1,07

Примечание: здесь и далее различия с генотипом qq достоверны при: * P 0,05; ** P 0,01; *** P 0,001

Таблица 2.69 – Продуктивность откармливаемого молодняка свиной белорусской крупной породы в зависимости от генотипа отца по гену IG1-2

Гено- тип	Го- лов	Возраст достижения ж.м. 100 кг, дней	С/с при- рост, г	Затраты корма на 1 кг при- роста, к. ед.	Длина туши, см	Толщина шпика, мм	Площадь «мыш. глазка», см ²	Масса задней тре- ти полу- туши, кг	Убойный выход, %
QQ	18	177,5±0,73***	742±4,6*	3,54±0,01	98,2±0,04***	26,3±0,38***	41,7±0,22***	11,2±0,06*	68,0±0,08**
Qq	33	178,5±0,45	756±1,36***	3,43±0,01	98,6±0,11***	27,0±0,07***	42,1±0,08***	11,35±0,04***	68,3±0,31***
qq	136	182,3±0,33	731±1,79	3,54±0,01	97,6±1,07	28,1±0,14	40,8±0,11	11,08±0,01	67,3±0,20

Основываясь на результатах проведенных нами исследований, можно сделать следующие выводы:

1. Ген IGF-2 может быть использован в качестве маркера откормочной и мясной продуктивности свиней белорусской крупной белой породы. Так, использование в воспроизводстве хряков генотипов QQ и Qq гена IGF-2 позволит увеличить среднесуточные приросты живой массы на 25-40 г, массу окорока – на 0,22-0,27 кг, площадь «мышечно-го глазка» - на 0,9-1,3 см², снизить возраст достижения живой массы 1 кг – на 3,8-4,8 дня, затраты корма – на 0,11 к.ед., толщину шпика – на 0,7-1,8 мм.

2. Частота встречаемости желательного аллеля Q гена IGF-2 у свиней белорусской крупной белой породы, в отличие от свиней специализированных мясных пород, невелика и составляет 0,12-0,34 %. Таким образом, учитывая частотность нежелательного аллеля q в генотипе свиней породы (0,66-0,88 %) с целью сохранения (повышения) мясных и откормочных качеств следует рекомендовать проведение отбора ремонтных хрячков и основных хряков с использованием данных анализа по гену IGF-2.

Таким образом, исходя из вышеизложенного, с целью повышения мясо-откормочных качеств молодняка свиней белорусской крупной белой породы следует проводить тестирование ремонтных хрячков и хряков-производителей методом ПЦР-ПДРФ, выявлять животных с генотипами Qq и QQ, проводить их подбор со свиноматками породы и использовать в воспроизводстве.

Новый метод селекции по повышению мясо-откормочных качеств молодняка свиней белорусской крупной белой породы методом ПЦР-ПДРФ позволяет проводить тестирование в раннем возрасте, независимо от пола и условий внешней среды, а дополнительный экономический эффект от использования в воспроизводстве хряков с генотипами Qq и QQ составит 3,0-7,6 у. е. на каждую реализуемую голову их потомства [94-А, с. 57-62].

Следует отметить, что рекомендуемую нами методику следует использовать совместно с классическими методами отбора и подбора животных по комплексу фенотипических показателей.

2.7.5.4. Оценка генетического равновесия заводских популяций хряков белорусской крупной белой и белорусской мясной пород по гену IGF-2 на линейном уровне

Проведенные ДНК-исследования позволили установить характер полиморфизма по локусу гена IGF-2 у хряков-производителей основ-

ных отечественных пород, разводимых в условиях РСУП СГЦ «За-днепровский»: белорусской крупной белой и белорусской мясной, по результатам которого, нами был проведен анализ распределения аллелей и генотипов среди исследуемых животных (рисунок 2.53, таблица 2.70).

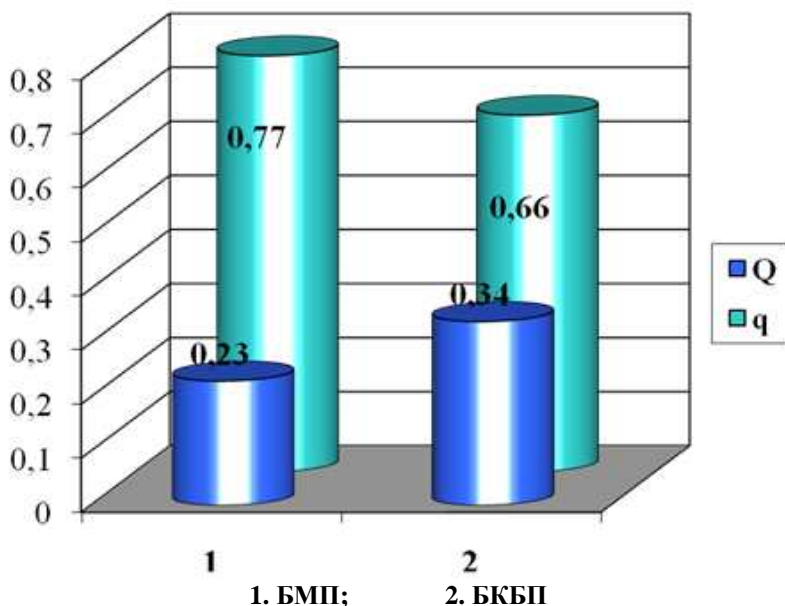


Рисунок 2.53 – Частота встречаемости аллелей гена IGF-2 среди чистопородных хряков-производителей.

Как следует из рисунка, частота встречаемости доминантного аллеля IGF-2^Q среди хряков исследуемых пород была невелика – 0,34 у хряков белорусской крупной белой породы и 0,23 у хряков белорусской мясной. Несмотря на направление продуктивности, хряки белорусской мясной породы характеризовались пониженной частотой встречаемости доминантного (желательного) аллеля в сравнении с хряками белорусской крупной белой породой – на 11 %. Это объясняется тем, что в условиях Республики Беларусь для повышения мясных качеств к материнской породе (БКБП), используемой в схемах гибридизации, проводилось «прилитие крови» породы йоркшир, животные которой имеют в основном гомозиготный генотип IGF-2^{QQ}, в результа-

те чего произошла миграция желательного аллеля в геном животных белорусской крупной белой породы [87-А, с. 179-186].

Проведенные исследования генетической структуры по гену IGF-2 среди хряков белорусской крупной белой и белорусской мясной пород, позволили определить фактическое распределение различных генотипов среди подопытных животных

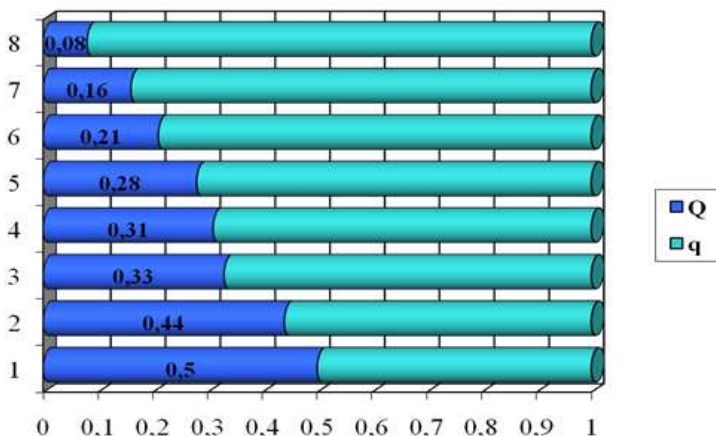
Согласно представленным в таблице 2.70 данным, частота встречаемости предпочтительного генотипа IGF-2^{QQ} у хряков белорусской крупной белой породы составила 14,6 %, а белорусской мясной – 10 %. В геноме исследованных хряков гетерозиготный генотип IGF-2^{Qq} занимает 26,6 % у хряков белорусской мясной породы и 39,0 % у хряков белорусской крупной белой породы. Наибольший удельный вес приходится на гомозиготное проявление рецессивных аллелей (IGF-2^{qq}) – 63,4 и 46,4 %, соответственно. Несмотря на преобладание гомозиготного генотипа IGF-2^{qq} и относительно высокий удельный вес гетерозигот, генетическое равновесие среди подопытных животных белорусской крупной белой и белорусской мясной пород не было нарушено – различия между фактическими и ожидаемыми частотами генотипов не имели достоверных различий.

Таблица 2.70 – Частоты встречаемости генотипов гена IGF-2 у хряков белорусской крупной белой и белорусской мясной пород

n	Распределение	Частоты генотипов, %			χ^2
		IGF-2 ^{QQ}	IGF-2 ^{Qq}	IGF-2 ^{qq}	
Белорусская мясная порода (БМП)					
30	Ф	10,0	26,6	63,4	1,94
	О	5,4	35,8	58,8	
Белорусская крупная белая порода (БКБП)					
41	Ф	14,6	39,0	46,4	0,71
	О	11,6	44,8	43,4	

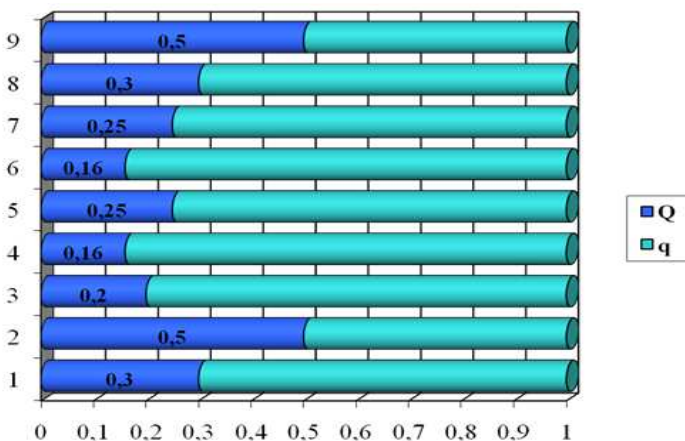
Откормочные и мясные качества свиней являются одними из важнейших показателей продуктивности, обуславливающих эффективность ведения данной отрасли животноводства, которые передаются от отца, поэтому несомненный интерес представляет изучение частот встречаемости аллелей и генотипов гена IGF-2 среди хряков-производителей.

Частоты встречаемости аллелей гена IGF-2 среди хряков белорусской мясной и белорусской крупной белой пород на линейном уровне представлены на рисунках 2.54-2.55.



Линии : 1 – Зубр 3423; 2 – Звон 2043; 3 – Забой 7869; 4 – Зенит 72159; 5 – Залет 1937;
6 – Зевс 743; 7 – Зонт 625; 8 – Заслон 305

Рисунок 2.54 – Частоты встречаемости аллелей гена IGF-2 среди хряков белорусской мясной породы в зависимости от линейной принадлежности.



Линии: 1 – Сват 3487; 2 – Сябр 22065; 3 – Смык 308; 4 – Свитанок 3884;
5 – Драчун 562; 6 – Секрет 1347; 7 – Свитанок 4487; 8 – Скарб 5007; 9 – Сябр 903

Рисунок 2.55 – Частоты встречаемости аллелей гена IGF-2 среди хряков белорусской крупной белой породы в зависимости от линейной принадлежности

Как видно из данных графиков, частота встречаемости желательного аллеля IGF-2^Q среди хряков-производителей белорусской мясной породы в зависимости от линейной принадлежности варьирует в достаточно широком диапазоне: от 0,08 у представителей линии Заслона 305 до 0,5 у линия Зубра 3423.

Размах колебаний встречаемости доминантного аллеля IGF-2^Q среди хряков белорусской крупной белой породы в зависимости от линейной принадлежности был относительно невелик и составил от 0,16 (линия Свитанка 3884) до 0,5 (линии Сябра 22065 и Сябра 903).

При проведении анализа по частотам встречаемости генотипов (таблица 2.71) было установлено, что наибольший удельный вес предпочтительных гомозигот (IGF-2^{QQ}) был среди хряков-производителей (белорусская мясная порода) линии Зубра 3423 – 40 %, а наименьший среди хряков-производителей линий Залета 1937 и Зевса 743 – 14,3 %, соответственно. Высокой частотой встречаемости нежелательного гомозиготного генотипа (IGF-2^{qq}) отличились линии: Зенита 72159, Забоя 7869, Зонта 625, Зевса 743 – 62,5, 66,7, 66,7, 71,4 %, соответственно.

Таблица 2.71 – Частота встречаемости генотипов гена IGF-2 среди хряков-производителей в зависимости от линейной принадлежности

Линии	n	Фактическая/ ожидаемая	Частоты генотипов, %			χ^2
			IGF-2 ^{QQ}	IGF-2 ^{Qq}	IGF-2 ^{qq}	
1	2	3	4	5	6	7
БМП РСУП СГЦ «Заднепровский»						
Зубр 3423	5	Ф	40	20	40	1,80
		О	25	50	25	
Звон 2043	8	Ф	25	37,5	37,5	0,45
		О	19,1	49,3	31,6	
Забой 7869	6	Ф	33,3	-	66,7	6,0*
		О	11,1	44,5	44,4	
Зенит 72159	8	Ф	25	12,5	62,5	4,02
		О	9,8	42,9	47,3	
Залет 1937	7	Ф	14,3	28,6	57,1	0,63
		О	7,9	40,3	51,8	
Зевс 743	7	Ф	14,3	14,3	71,4	2,32
		О	4,6	33,7	61,7	

Продолжение таблицы 2.71

1	2	3	4	5	6	7
Зонт 625	9	Ф	-	33,3	66,7	0,36
		О	2,8	27,8	69,4	
Заслон 305	6	Ф	-	16,7	83,3	0,05
		О	0,7	15,3	84,0	
БКБП СГЦ «Заднепровский»						
Сват 3487	5	Ф	-	60	40	0,9
		О	9	42	49	
Сябр 22065	3	Ф	33,3	33,3	33,3	0,33
		О	25,0	50,0	25,0	
Смык 308	5	Ф	-	40	60	0,31
		О	4	32	64	
Свитанок 3884	3	Ф	-	33,3	66,7	0,12
		О	2,8	27,8	69,4	
Драчун 562	2	Ф	-	50	50	0,23
		О	6,2	37,5	56,3	
Секрет 1347	3	Ф	-	33,3	66,7	0,12
		О	2,8	27,8	69,4	
Свитанок 4487	2	Ф	-	50	50	0,22
		О	6,3	37,5	56,2	
Скарб 5007	5	Ф	-	60	40	0,91
		О	9	42	49	
Сябр 903	3	Ф	33,3	33,3	33,3	0,33
		О	25,0	50,0	25,0	

Кроме этого надо отметить, что в линиях Зонта 625 и Заслона 305 не было выявлено гомозиготных животных генотипа IGF-2^{Qq}, обуславливающего высокие мясные и откормочные качества свиней.

Среди хряков белорусской крупной белой породы желательный генотип был обнаружен лишь среди представителей линий Сябра 22065 и Сябра 903 – 33,3 %. В линиях хряков белорусской мясной и белорусской крупной белой пород генетическое равновесие в основном было смещено в сторону преобладания гетерозиготных генотипов и гомозиготных с рецессивным проявлением гена IGF-2, однако разница между ожидаемыми и фактическими частотами не имела достоверности. Исключением была линия Забоя 7869, среди хряков которой не было обнаружено генотипа IGF-2^{Qq} и 66,7 % особей имели нежелательное сочетание аллелей данного гена (IGF-2^{qq}). Разница несоответствия ожидаемых и фактических частот была достоверна при P<0,05.

2.7.5.5. Плейотропное действие гена IGF-2

В результате изучения влияния гена IGF-2 на качество спермопродукции (таблица 2.72) и воспроизводительные способности (таблица 2.73) хряков-производителей белорусской мясной породы, разводимой в РСУП СГЦ «Заднепровский», выявлена тенденция положительного влияния аллеля IGF-2^Q на некоторые качественные и количественные показатели спермопродукции.

Таблица 2.72 – Влияние полиморфизма гена IGF-2 на качество спермопродукции хряков-производителей белорусской мясной породы

Генотипы	n	Объем эякулята, мл	Активность спермы, баллов	Концентрация спермы, млн./мл	Выживаемость спермиев, ч
IGF-2 ^{QQ}	2	163,0±21,00	8,05±0,05	334,5±5,50	180,0±12,0
IGF-2 ^{Qq}	7	169,7±21,82	8,05±0,03	338,1±4,68	187,3±9,21
IGF-2 ^{qq}	19	180,2±8,53	7,9±0,05	333,9±1,63	175,2±6,59

Таблица 2.73 – Эффективность случек хряков-производителей белорусской мясной породы различных генотипов по гену IGF-2^Q

Генотипы	Осеменовано маток, гол.	Выбыло супоросных, гол.	Абортировало, гол.	Опороилось, гол.	Оплодотворяемость, %
IGF-2 ^{QQ}	77	0	6	66	93,5±1,04
IGF-2 ^{Qq}	327	3	22	255	85,4±2,08
IGF-2 ^{qq}	736	6	30	634	91,4±0,99

Несмотря на то, что хряки с генотипом IGF-2^{QQ} имели меньший объем эякулята на 17,2 мл, они превосходили особей с генотипом IGF-2^{qq} по таким качественным показателям спермопродукции, как концентрация спермиев – на 0,6 млн./мл и выживаемость спермиев – на 4,8 ч. Разница между генотипами IGF-2^{Qq} и IGF-2^{qq} составила: 10,5 мл, 4,2 млн./мл и 12,1 ч, соответственно.

Кроме этого, наличие в геноме хряков желательной полиморфной группы гена инсулиноподобного фактора – IGF-2^{QQ} позволяет повысить воспроизводительные способности последних – процент оплодотворяемости маток повышается на 2,1 %.

2.7.5.6. Корреляция между генотипами по генам EPOR, MUC4, IGF-2 и детерминирующими показателями продуктивных качеств свиней

Для того чтобы установить корреляцию между генотипами свиней по исследуемым генам и анализируемыми показателями продуктивности, нами был рассчитан бисериальный показатель (рисунки 2.56-2.57).

Как и ожидалось, наличие в генотипе свиноматок аллеля EPOR^T гена эритропоэтинового рецептора положительно связано с основным исследуемым показателем по данному гену – многоплодием. В нашем случае сочетание аллелей EPOR^{CT} имеет положительную связь с многоплодием: от +0,148 – свиноматки белорусской крупной белой породы, до +0,207 – свиноматки белорусской мясной породы. Кроме этого надо отметить, что при возрастании концентрации аллеля EPOR^T значение коэффициента корреляции увеличивается по направлению от генотипа EPOR^{CT} к генотипу EPOR^{TT}, что видно на примере белорусской мясной породы: +0,207 → +0,384 – на 46,1 %.

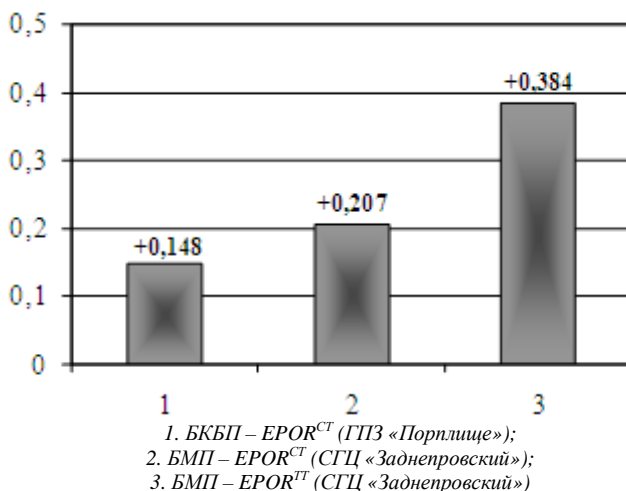
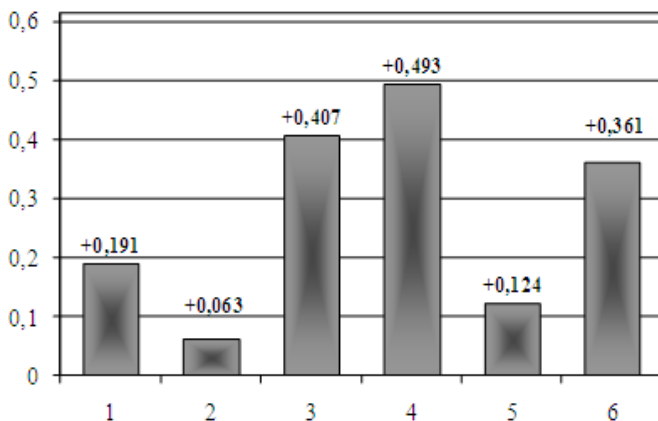


Рисунок 2.56 – Взаимосвязь концентрации аллеля EPOR^T в генотипах свиноматок с многоплодием.

Как видно из рисунка 2.57, полученные бисериальные коэффициенты указывают на незначительную связь генотипов свиноматок по гену MUC4, в частности гетерозиготных, с сохранностью поросят-сосунов.



1. БКБП – $MUC4^{CG}$ (СГЦ «Заднепровский»);
2. БМП – $MUC4^{CG}$ (СГЦ «Заднепровский»);
3. БКБП – $MUC4^{CG}$ (ГПЗ «Порплище»);
4. БКБП – $MUC4^{CC}$ (ГПЗ «Порплище»);
5. В общем по БКБП – $MUC4^{CG}$; 6. В общем по БКБП – $MUC4^{CC}$

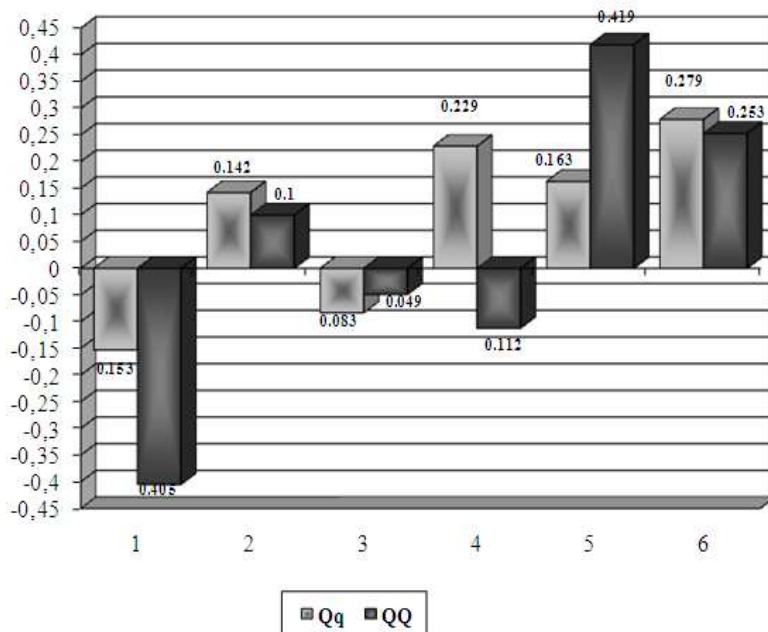
Рисунок 2.57– Взаимосвязь концентрации аллеля $MUC4^C$ в геномах свиноматок с сохранностью поросят-сосунов

Кроме этого необходимо отметить, что с повышением концентрации желательного аллеля $MUC4^C$ в геноме свиноматок значения бисериального коэффициента увеличивались. Так, корреляция между гомозиготным генотипом $MUC4^{CC}$ свиноматок белорусской крупной белой породы (ГПЗ «Порплище») и сохранностью поросят-сосунов была выше на 17,5 % в сравнении с генотипом $MUC4^{CG}$, в общем же по белорусской крупной белой породе – на 65,7 %, соответственно.

В ходе анализа корреляции генотипов хряков по гену IGF-2 с откормочными качествами потомства (рисунки 2.58-2.59) установлена отрицательная связь генотипа IGF-2^{Qq} с возрастом достижения 100 кг живой массы и затратами корма на 1 кг прироста потомками, а также положительная с такими показателями мясных качеств как площадь «мышечного глазка» и масса окорока. Однако необходимо отметить, что предпочтительный гомозиготный генотип хряков IGF-2^{QQ} позволяет сдвинуть установленные взаимосвязи в желательную сторону. На примере хряков белорусской крупной белой породы данный генотип позволяет сдвинуть связь с возрастом достижения 100 кг живой массы потомства в желательную сторону на 0,252, или на 62,2 % относительно генотипа IGF-2^{Qq}; по площади «мышечного глазка» – на 0,256, или на 61,6 %.

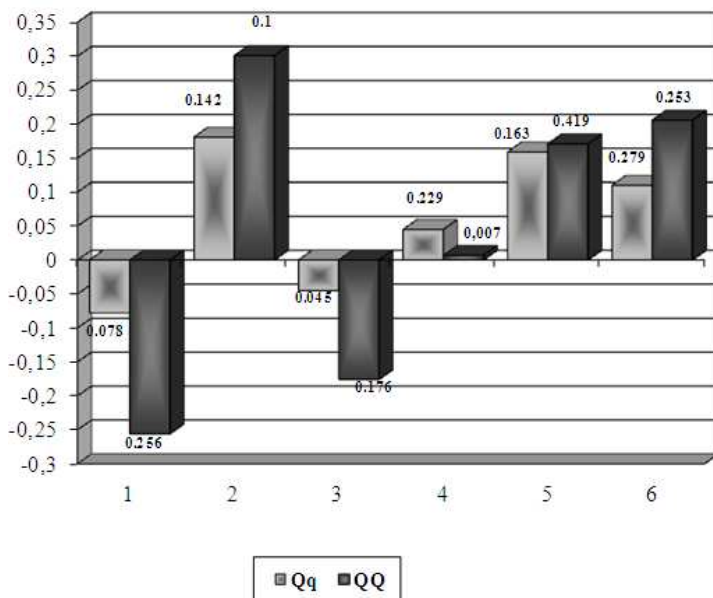
Аналогичная тенденция смещения коррелятивных связей между

предпочтительным генотипом и анализируемыми показателями откормочных качеств потомства была выявлена и среди хряков белорусской мясной породы: по возрасту достижения 100 кг живой массы – на 0,178, или на 69,5 %; по среднесуточному приросту – на 0,120, или на 39,8 %; по затратам корма на 1 кг прироста живой массы – в отрицательную сторону на 0,131, или на 74,4 %, соответственно.



1. Возраст достижения 100 кг живой массы, кг; 2. Среднесуточный прирост, г;
3. Затраты корма, корм.ед.; 4. Толщина шпика, мм; 5. Площадь «мышечного глазка», см²; 6. Масса окорока, кг.

Рисунок 2.58 – Взаимосвязь концентрации аллеля IGF-2^Q в генотипах хряков белорусской крупной белой породы с откормочными и мясными качествами потомства



1. Возраст достижения 100 кг живой массы, кг; 2. Среднесуточный прирост, г;
3. Затраты корма, корм.ед.; 4. Толщина шпика, мм; 5. Площадь «мышечного глазка», см²; 6. Масса окорока, кг.

Рисунок 2.59 – Взаимосвязь концентрации аллеля IGF-2^Q в генотипах хряков белорусской мясной породы с откормочными и мясными качествами потомства

Следует отметить, что использование хряков с генотипом IGF-2^{QQ}, с учетом роста откормочных качеств полученного от них потомства, не оказывает заметного отрицательного действия на толщину шпика, но позволяет повысить другие показатели мясных качеств потомства, на что нацелены селекционные программы в свиноводстве как многих стран мира, так и Республики Беларусь в частности (в плане получения мясной свинины). Подтверждением этому могут служить выявленные нами положительные значения бисериального коэффициента между генотипами и площадью «мышечного глазка», которые возрастали по мере увеличения концентрации аллеля IGF-2^Q. Так, гомозиготный (IGF-2^{QQ}) генотип хряков белорусской крупной белой породы позволяет сдвинуть положительную связь в желательную сторону с площадью

«мышечного глазка» потомства относительно гетерозиготного генотипа на 0,256, или на 61,1 %, среди хряков белорусской мясной породы – на 0,012, или на 7,0 %, соответственно. Данное сочетание аллелей позволяет сдвинуть корреляционную связь генотипа хряков белорусской мясной породы с массой окорока потомства на 0,096, или на 46,6 %.

Поскольку каждый взятый изолированно ген-маркер оказывает, как правило, косвенное влияние на детерминирующие показатели продуктивных качеств свиней, выявленные нами невысокие и умеренные коэффициенты корреляции между генотипами и анализируемыми показателями являются закономерными. В то же время, полученные результаты позволяют утверждать о перспективности использования в селекционном процессе генов EPOR, MUC4 и IGF-2 в качестве маркеров исследуемых показателей продуктивности, при этом предпочтение необходимо отдавать гомозиготным генотипам по желательным аллелям EPOR^{TT}, MUC4^{CC} и IGF-2^{QQ}.

2.7.6. Построение генетического профиля популяций свиней по комплексу используемых в селекции генных маркеров

Основой системы разведения свиней является селекционное совершенствование исходных чистопородных стад свиней. Для Республики Беларусь, где 80 % товарного молодняка получают на гибридной основе, очень важно иметь высокопродуктивную конкурентоспособную материнскую породу, которая вносит в генотип финального гибридного молодняка через соматическую наследуемость высокие адаптивные способности к сложным средовым факторам промышленной технологии.

В результате направленной селекционной работы на протяжении 1975-2006 гг. впервые в Республике Беларусь была создана белорусская крупная белая порода свиней (БКБП). В настоящее время данная порода доминирует по численности (60 % хряков и 90 % маток) среди разводимых в Республике Беларусь плановых пород свиней. От того насколько высок селекционно-генетический потенциал крупной белой породы, ее развития и продуктивности зависит экономическая эффективность откорма товарного молодняка и производства свинины. Порода характеризуется высокими материнскими качествами, резистентностью, сохранностью молодняка, его откормочной и мясной продуктивностью. Она используется как материнская форма, необходимая для получения конкурентоспособной свинины от помесного и гибридного молодняка. Свиньи белорусской крупной белой породы характеризуются крепкой конституцией и облегченным типом телосложения,

высокой естественной резистентностью организма, приспособленностью к региональным условиям, стрессустойчивостью и высокими продуктивными качествами при промышленном производстве свинины [66-А, 67-А, 68-А].

Однако дальнейшая работа по совершенствованию породы невозможна без использования современных достижений науки и техники в области селекции и генетики.

Большинство хозяйственно-полезных признаков животных являются количественными и имеют полигенную природу наследования, то есть на их проявление оказывает влияние не один, а комплекс генов, расположенных в различных участках (локусах) хромосом генома индивидуума. Данные полигенные локусы, ответственные за проявление количественных признаков, получили название локусов количественных признаков (QTL – Quantitative Trait Loci's). Животные, характеризующиеся повышенной продуктивностью, имеют в QTL большее число предпочтительных аллелей (вариантов генотипов), чем в среднем по популяции. Вследствие отбора таких животных в качестве родительских пар следует ожидать получение потомков, имеющих более высокую частоту предпочтительных аллелей и, как следствие, более высокую продуктивность по сравнению с предыдущим поколением вследствие экспрессии генов с желательным полиморфизмом и генотипами особей в субпопуляции.

В настоящее время, в связи с развитием молекулярной генетики и биологии, появилась возможность идентификации генов, напрямую или косвенно связанных с хозяйственно-полезными признаками (геномный анализ). Выявление предпочтительных с точки зрения селекции вариантов таких генов у свиней позволяет, наряду с традиционным отбором по фенотипу, проводить селекцию непосредственно на уровне ДНК (маркер-зависимая селекция).

Такая селекция имеет ряд преимуществ перед традиционной. Она позволяет не учитывать изменчивость хозяйственно-полезных признаков, обусловленную внешней средой как основного фактора при отборе, делает возможной оценку животных в раннем возрасте независимо от пола и в результате повышает эффективность селекции и сокращает сроки достижения заданных уровней продуктивности.

Разработан достаточно широкий набор методик, позволяющий опрелелить спектр генов-кандидатов, полиморфные варианты которых оказывают прямое или косвенное влияние на реализацию признаков продуктивности свиней [55, с. 73-74].

Проводимый нами в 2002-2009 гг. в Республике Беларусь крупномасштабный скрининг свиней белорусской крупной белой породы по

различным генам-кандидатам продуктивных качеств позволил выявить их полиморфизм и ассоциацию генотипов с продуктивными признаками.

Установлено, что перспективными для применения в практической селекции для белорусской крупной белой породы являются следующие гены-маркеры продуктивности:

- по воспроизводительным качествам – ген эстрогенового рецептора (ESR);
- по откормочным и мясным качествам – гипофизарный фактор транскрипции (POU1F1), ген инсулиноподобного фактора роста (IGF-2), меланинкортин-рецептор (MC4R), ген белка, связывающий жирные кислоты (H-FABP);
- чувствительности к стрессам – ген риадинового рецептора (Ryr1);
- устойчивости к послеотъемной диарее – ген рецептора E.Coli F18;

Воспроизводительные качества (многоплодие). Одним из важнейших показателей эффективности селекционной работы является повышение многоплодия свиноматок. В свиноводстве работы по увеличению размеров гнезда проводят с использованием различных селекционных программ с высокопродуктивными линиями свиноматок, методами гибридизации и вводного скрещивания. Однако прямая селекция на плодовитость малоэффективна в силу низких коэффициентов ее наследования ($h=0,1-0,2$) и отрицательного влияния на признак фенотипических факторов.

1. Наиболее перспективным и получившим широкое распространение генетическим маркером многоплодия является ген эстрогенового рецептора (ESR). Полиморфизм данного гена обусловлен наличием двух аллелей: А и В. Исследованиями установлено, что предпочтительным с точки зрения селекции является генотип ВВ. Установлено, что превосходство по многоплодию свиноматок с генотипом ВВ составляло 0,9 поросенка по сравнению с генотипом АА. Выявлено, что свиноматки крупной белой и уржумской пород с генотипом ВВ превосходили в среднем по размерам гнезда животных с генотипом АА на 0,7-1,4 и 1,3 поросенка, соответственно [54, с. 50-57; 34-А, 38-А, 43-А, 51-А, 53-А, 62-А, 64-А, 69-А, 74-А].

Откормочные и мясные качества. Как известно, селекция свиней на повышение темпов роста и увеличение мясности туш традиционными методами затруднена вследствие относительно низкой наследуемости и большой вариабельности признаков. В этой связи поиск предпочтительных аллелей генов, обуславливающих повышение от-

кормочных и мясных качеств свиней, приобретает большое значение в селекции. В качестве маркеров мясных и откормочных качеств в настоящее время рассматриваются: гипофизарный фактор транскрипции (POU1F1); ген инсулиноподобного фактора роста 2 (IGF-2); меланин-кортин-рецептор (MC4R), а также ген белка, связывающий жирные кислоты (H-FABP), влияющий на мраморность мяса.

Полиморфизм гена POU1F1 обусловлен наличием двух аллелей – С и D. Исследования европейских ученых на местных свиньях крупной белой породы показали, что предпочтительным по скорости роста является генотип СС.

Полиморфизм гена IGF-2 обусловлен двумя аллелями – q и Q. Свиньи, несущие в своем геноме желательный генотип QQ гена IGF-2, отличаются повышенными среднесуточными приростами живой массы и содержанием мяса в туше, более низкой толщиной шпика. У крупной белой породы генотип QQ на первом этапе исследований зафиксирован не был. 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 аллелей А и В. Животные, имеющие генотип ВВ, по показателям откормочной и мясной продуктивности превосходят аналогов с генотипом АА [80-А, 84-А].

Важным показателем качества мяса, связанного с его вкусовыми характеристиками, является содержание внутримышечного жира или его мраморности. В качестве гена-кандидата содержания внутримышечного жира рассматриваются гены, кодирующие белки и ферменты, участвующие в обмене липидов. В этой связи интерес представляют FABP-белки, связывающие жирные кислоты.

Выявлены три аллеля (А, D и H) гена H-FABP, обуславливающие три класса полиморфизма. Установлено, что предпочтительным с точки зрения селекции является генотип aaddHH. Частота предпочтительных генотипов у свиней крупной белой породы (Россия) варьирует: dd – 8-34,8 %; HH – 71,4-100 %. По аллелю А полиморфизм не был выявлен [4, с. 94-96].

Стрессустойчивость. Одной из проблем в свиноводстве является чувствительность свиней к стрессам – «синдром злокачественной гипертермии», ведущий к большим экономическим потерям в результате снижения продуктивности, смертности животных и ухудшения качества мяса. Установлено, что чувствительность к злокачественной гипертермии вызывается точковой мутацией гена рианодинового рецептора RYR1.

Животные, имеющие генотип NN, являются устойчивыми к стрессам, генотип nn – стрессчувствительными. У свиней крупной белой породы частота встречаемости аллеля N составляет 96,4-100 % [122, с. 31-35, 141].

Устойчивость к послепроизводной диарее. Колибактериоз – остро протекающее инфекционное заболевание молодняка животных, в частности, поросят, сопровождающееся диареей и, как следствие, высокой летальностью. Возбудителем заболевания является кишечная палочка E.coli. В качестве генетического маркера, представляющего практический интерес, рассматривается ген рецептора E.Coli F18 (ECR F18). Установлено тесное сцепление этого гена с геном альфа-1 фукозилтрансферазы (FUT 1) макроорганизма. В гене FUT 1 выявлен полиморфизм, причиной которого является точковая мутация A→G в позиции 307. Поросята, несущие в геноме аллель G, являются восприимчивыми к колибактериозу, A – устойчивыми.

У свиней крупной белой породы частота встречаемости аллеля A составляет 0,13-0,24 %; G – 0,87-0,76 % [131, с.168-169; 73-A, с. 88-89].

Целью наших исследований была разработка и анализ карты генетического профиля свиней белорусской крупной белой породы на основе анализа частоты встречаемости аллелей генов-маркеров продуктивных качеств, а также закономерности их ассоциаций на полигенном и мультигенном уровнях.

Исследования проводились на свиноматках, хряках, основных и ремонтных, а также на откормочном поголовье свиней белорусской крупной белой породы в следующих хозяйствах: Минской области – РУСПП «Свинокомплекс Борисовский»; РСУП «Племзавод «Индустрия»; ООО «Т.Д. Ждановичи-Агро»; Витебской области – РСУП «СГЦ «Заднепровский»; ЗАО «Нарцизово»; ЗАО «Дражно»; Могилевской области – ЗАО «Огневское»; Гомельской области – ЗАО «Заря»; ЗАО «Южный»; ЗАО «Прудок». В качестве исходного материала использовались пробы ткани из ушной раковины свиней. Из образцов выделялся и оптимизировался ДНК для последующего анализа в лабораториях молекулярной генетики (ВИЖ, Россия) и генетики (РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству», Республика Беларусь) полиморфизма генов методом ПЦР-ПДРФ (полимеразно-цепной реакции полиморфизма длин рестрикционных фрагментов). Статистическую обработку проводили по стандартной методике (Меркурьева и др., 1991). Толщину шпика, глубину длиннейшей мышцы спины и мясность ремонтных хрячков прижизненно определяли прибором «Piglog-105» («SFK Technology», Дания).

Для построения карты генетического профиля свиней белорусской

крупной белой породы определялась частотность встречаемости аллелей и генов-маркеров продуктивных качеств.

Стрессустойчивость. Стрессустойчивость изучалась на основных и ремонтных хряках и свиноматках, а также откормочном поголовье (всего 431 голова) белорусской крупной белой породы свиней в различных регионах республики. Установлено, что у животных породы не был выявлен стрессчувствительный генотип – nn гена RYR1, а гетерозиготная форма генотипа Nn встречалась с частотой 1,3 %.

Таким образом, низкая частота встречаемости животных с генотипом Nn, а также отсутствие чувствительных к стрессам животных с генотипом nn у белорусской крупной белой породы свиней указывает на отсутствие необходимости проведения у них в дальнейшем полномасштабной молекулярной генной диагностики стрессовой чувствительности. Очевидно, это результат многолетней работы по тестированию стресса методом галотанового и иммунологического тестов и отбора, устойчивых к стрессу животных. С целью исключения стрессчувствительных животных достаточно проведения генетического тестирования среди используемых и ремонтных хряков.

Откормочные и мясные качества (H-FABP, IGF-2, POU1F1, MC4R)

Согласно нашим исследованиям, частота встречаемости генотипов гена H-FABP у свиней породы (190 голов) составило (%): DD – 13,0; Dd – 37,7; dd – 49,3; HH – 80,3; Hh – 10,6; hh – 9,1.

Выявлено, что мясо свиней, несущих нежелательное сочетание аллелей гена H-FABP, характеризуется меньшим содержанием внутримышечного жира, большей толщиной шпика [33-А, 35-А, 37-А, 41-А, с. 81-85, 42-А, с. 28-34.].

Анализ продуктивности молодняка свиней белорусской крупной белой породы в зависимости от генотипов по генам IGF-2, POU1F1, MC4R (329 голов) показал, что животные с желательными генотипами превосходят своих аналогов с рецессивными генотипами: по возрасту достижения живой массы 100 кг – на 0,43-2,6 %, среднесуточному приросту – на 1,1-5,0 %, затратам корма на 1 кг прироста – 1,1-1,4 % [75-А, 76-А, 78-А, 80-А, 81-А, 82-А, 83-А, 84-А, 85-А, 87-А, 88-А, 89-А, 91-А, 92-А, 93-А, 95-А, 96-А, 97-А].

Комплексный генотип генов-кандидатов инсулинового каскада – Qq-CC-BB хряков проявил достоверное ($p \leq 0,05$; 0,001) повышение у их потомков среднесуточных приростов на 125 г, снижение возраста 100 кг – на 14 дней и затрат кормов – на 0,42 к. ед. по отношению к генотипу qq-DD-AB [87-А, 95-А].

Многоплодие (ESR). В результате исследований 662 голов свиней

установлено, что в среднем по породе частота встречаемости генотипов гена ESR составила (%): AA – 39,0, AB – 37,8, BB – 23,2.

Выявлено, что свиноматки с генотипом BB превосходят по многоплодию аналогов с генотипом AA на 0,87-1,57 поросенка на опорос при достоверной разнице ($p < 0,05$; $p < 0,001$). Наличие в генотипе свиней аллеля B гена ESR в гетерозиготном состоянии AB также выражается в устойчивой и достоверной тенденции повышения многоплодия – на 0,5-0,89 поросят ($p < 0,01$). Отъемная масса гнезда у свиноматок-носителей гена BB выше, чем у их аналогов с генотипом AA, на 2,09-6,1 кг ($p < 0,05$) [32-A, 34-A, 38-A, 41-A, с.75-79, 42-A, с. 34-37, 56-A, 57-A, 58-A, 60-A, 79-A, 99-A].

Заблеваемость колибактериозом(ESR F18). Анализ результатов генетического тестирования свиноматок белорусской крупной белой породы показал, что частота встречаемости генотипов гена ECR F18 была следующей (183 головы) (%): AA – 5,4; AG – 35,8; GG – 58,8.

Данные исследований показали, что генотип отца оказывает определенное влияние на показатели продуктивности свиноматок крупной белой породы по гену ECR F18. При наличии аллеля A в генотипе как матери, так и отца (AG×AG) сохранность поросят достоверно ($p < 0,01$) повышалась на 11,6 %, или только матери или отца (AG×GG и GG×AG) – на 10,1 и 9,1 %, соответственно, по сравнению с потомством родителей, несущих в генотипе только аллель G [14-A, 2-A, 3-A, 5-A, 23-A, 23-A, 31-A, 40-A, 41-A, с. 79-81, 42-A, с. 37-39, 54-A].

С целью разработки селекционной стратегии с учетом результатов исследований предлагается карта генетического профиля свиней белорусской крупной белой породы, в которой отражены аллели животных по ДНК-маркерам (рисунок 2.60).

Анализ карты генетического профиля показал, что животные белорусской крупной белой породы имеют высокую частоту встречаемости предпочтительных аллелей по гену RYR1 (животные стрессустойчивые) и гену H-FABP (имеют сравнительно высокие показатели по содержанию внутримышечного жира), среднюю – по многоплодию и ниже средней – по предрасположенности к заболеванию E.coli и мясным качествам.

Чтобы построить модельную карту генетического профиля свиней породы с максимально возможным высоким уровнем предпочтительных аллелей генов-маркеров продуктивных качеств, следует провести анализ ассоциаций между данными генами. Так, ген ECR F18 расположен на одной хромосоме (6) с геном рианодинового рецептора RYR1. Установлено, что мутантный аллель G в высокой степени сцеплен со стрессустойчивым аллелем N гена RYR1. Это подтверждается

исследованиями российских ученых, где наблюдалась достоверная тенденция ($p < 0,05$) взаимосвязи аллеля G гена ECR F18 с аллелем N гена RYR1 [54, с. 50-57].

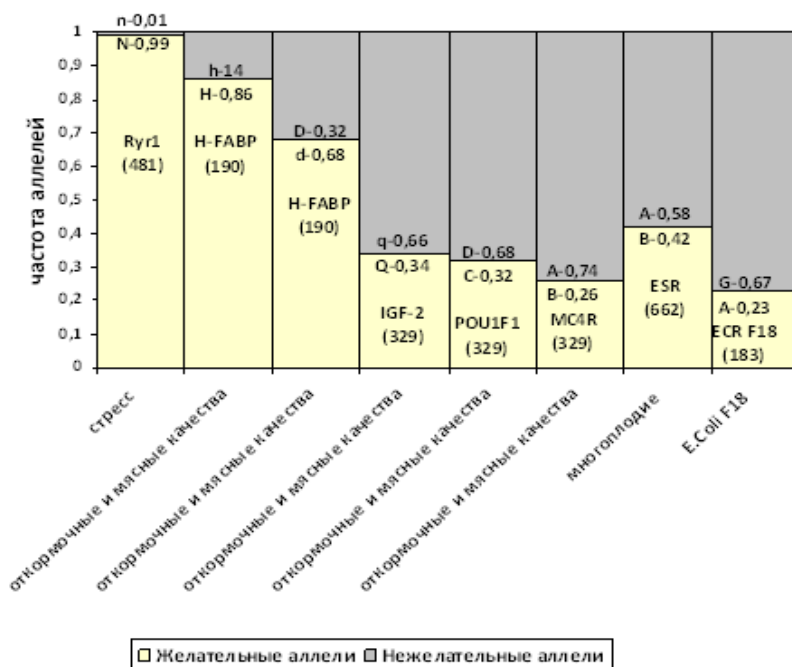


Рисунок 2.60 – Карта генетического профиля свиней белорусской крупной белой породы по некоторым генам-маркерам продуктивных качеств

По данным компании Gentec (Бельгия), аллель q гена IGF-2 положительно связан с воспроизводительными качествами свиноматок, поэтому преимущественный отбор по плодовитости приводит к вымыванию желательного аллеля Q из популяции и, следовательно, к снижению откормочных и мясных качеств. Поэтому у материнской белорусской крупной белой породы встречаемость аллеля Q на 34-64 % ниже, чем у животных специализированных мясных пород. Следует отметить, что из всех генов-маркеров инсулинового каскада (IGF-2, POU1F1, MC4R) именно ген IGF-2 в наибольшей степени влияет на мясные и откормочные качества свиней и является одним из наиболее

перспективных маркеров мясо-откормочных качеств [78, с. 12-14].

Для решения данного противоречия с целью создания специализированных генотипов свиней белорусская крупная белая порода дифференцируется на материнскую и отцовскую форму с отдельной селекцией и различными стандартами. Основное направление в селекции в материнском типе – повышение резистентности молодняка и многоплодия маток, в отцовском типе – улучшение откормочных и мясных качеств. Следовательно, необходимо разработать две отдельные карты генетического профиля (для отцовского и материнского типов БКБ породы).

Карта генетического профиля позволит разрабатывать программы отбора и подбора родительских пар с учетом генотипов и аллелей генов-маркеров продуктивных качеств. Подбор родительских пар следует проводить комплексно с учетом всех генотипов и аллелей генов-маркеров по следующей методике: из биопроб ткани животных выделяется ДНК для последующего анализа методом ПЦР-ПДРФ. При анализе полиморфизма определяются генотипы изучаемого гена-маркера. Далее на основе анализа продуктивности производится отбор и подбор родительских пар с предпочтительными сочетаниями генотипов.

По итогам наших исследований в качестве примера предлагаются схемы подбора свиноматок и хряков белорусской крупной белой породы, направленные на повышение многоплодия и мясо-откормочных качеств. Аналогичные схемы подбора родительских форм разработаны и предложены ранее по другим генам-маркерам QTL, составляющих мультилокусный сайт карты генетического профиля (рисунок 2.60). Следует отметить, что направление данных исследований находится лишь на начальной стадии, но предварительные данные, изученные закономерности и ассоциации позволяют утверждать о возможности разработки комплексного подхода в селекции. Это позволяет объединить в метод селекции оценку генотипа, фенотипа и продуктивности животных, т. е. разработку модельных карт генетического, экстерьерного и продуктивного профилей популяций с их дифференциацией по направлению селекции коррелируемых признаков, а также получение устойчивого гетерозисного эффекта при их кроссе.

В настоящее время нами создана отечественная популяция свиней породы йоркшир и утвержден заводской тип «Днепробугский». Данный генотип является модельным по всем параметрам продуктивности для материнских пород и в особенности по мясо-откормочным качествам. Поэтому нами был изучен генетический профиль данной популяции, которая создавалась сложным комплексным методом, включающим не только завоз и разведение генотипов канадского и французско-

го происхождения, но и метод поглотительного скрещивания свиней БКБ породы хряками скандинавской селекции.

Очевидно, был создан уникальный генотип со значительными возможностями для селекционного прогресса и производственного использования. Проведенный генетический анализ (рисунок 2.61) показал, что данный генетический профиль соответствует лучшим мировым аналогам. Относительно сравнения карт БКБ и йоркширской породы мы видим отличия и направления дальнейшего совершенствования животных белорусской крупной белой породы в мясотокармочном направлении, через экспрессию предпочтительных аллелей в генах и генотипах животных.

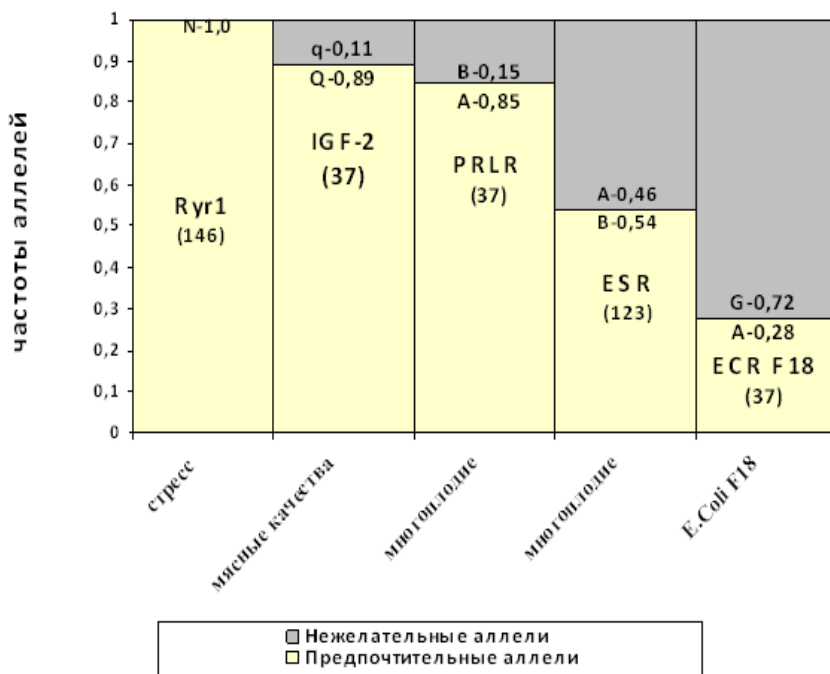


Рисунок 2.61 – Карта генетического профиля свиней породы йоркшир

Для подтверждения выводов нашего сравнительного анализа генотипов двух пород приведем результаты генетического анализа в ассоциации с продуктивностью молодняка йоркширской популяции по генотипам гена IGF-2.

IGF-2 – ген инсулиноподобный фактора роста, служит маркером откормочных и мясных качеств свиней. В результате тестирования хряков (IGF-2 характеризуется патернальным (отцовским) действием на продуктивность) выявлено, что частота встречаемости желательного генотипа IGF-2^{QQ} составляет 78,4 %, IGF-2^{Qq} – 21,6 %, при этом генотип IGF-2^{qq} отсутствовал. Концентрация аллелей IGF-2^Q и IGF-2^q составила 0,89 и 0,11.

Результаты оценки откормочного молодняка белорусского заводского типа породы йоркшир на контрольном откорме в зависимости от генотипа отца по гену IGF-2 представлены в таблице 2.74.

Установлено, что молодняк белорусского заводского типа породы йоркшир с генотипом IGF-2^{QQ} превосходил своих сверстников с генотипом IGF-2^{Qq}: по возрасту достижения живой массы 100 кг – на 1,9 дня, или на 1,2 %; среднесуточному приросту – на 31 г, или на 3,4 % ($P \leq 0,05$); длине туши – на 0,8 см, или на 0,8 % ($P \leq 0,001$); толщине шпика – 1,9 см, или 8,7 % ($P \leq 0,001$); массе задней трети полутуши – на 0,3 кг, или 2,7 % ($P \leq 0,01$).

Таблица 2.74 – Продуктивность откормочного молодняка белорусского заводского типа породы йоркшир в зависимости от генотипа отца по гену IGF-2

Показатели	Генотип IGF-2	
	QQ	Qq
Количество голов	26	11
Возраст достижения живой массы 100 дней, дней	163,8±1,05	165,7±1,6
Среднесуточный прирост, г	911±12*	880±10
Расход корма, к. ед.	3,15±0,02	3,21±0,01
Длина туши, см	99,2±0,16***	98,4±0,12
Толщина шпика, мм	19,8±0,31***	21,7±0,22
Площадь мышечного глазка, см ²	42,8±0,28	41,6±0,23
Масса задней трети полутуши, кг	11,4±0,07**	11,1±0,09
Выход мяса в туше, %	63,1	61,9

Примечание. Достоверность разницы дана относительно генотипа Qq * $P \leq 0,05$; ** $P \leq 0,01$; *** $P \leq 0,001$

Анализ материалов исследований позволяет сделать ряд выводов:

1. Приведенные в настоящей работе данные свидетельствуют о том, что полиморфные варианты генотипов некоторых генов-маркеров оказывают прямое или косвенное влияние на продуктивные качества сви-

ней белорусской крупной белой породы.

2. Разработана карта генетического профиля свиней белорусской крупной белой породы, позволяющая корректировать программы подбора родительских пар с учетом их генотипов по генам-маркерам стрессустойчивости, репродуктивных, откормочных и мясных качеств, устойчивости к колибактериозу.

3. Разработаны схемы подбора генотипов по генным локусам на повышение репродуктивных и мясо-откормочных качеств свиней белорусской крупной белой породы.

4. Разработаны следующие принципы управления селекционным процессом на основе карт генетического профиля:

- скрининг генов-маркеров селекционируемых микро- и макропопуляций;
- оценка характера полигенного взаимодействия генотипов генов-кандидатов в ассоциации с признаками воспроизводительной, откормочной, мясной продуктивности и выбор главного гена для практической селекции;
- оценка характера мультигенного взаимодействия в ассоциации комплекса признаков с учетом их корреляции, наследования и дифференциации популяций породы на материнские и отцовские формы по направлению признаков селекции;
- разработка модельных карт генетического профиля в комплексе с продуктивным и конституциональным профилями селекционируемых популяций.

3. ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ЭКСПЕРТИЗА СВИНЕЙ, ПОСТРОЕННАЯ НА ОСНОВЕ ДНК-МИКРОСАТЕЛЛИТОВ

3.1. Оценка генетического профиля свиней белорусской крупной белой породы

Создание новых типов и пород свиней ставит перед селекционерами задачу целенаправленного формирования генетической (линейной) структуры стада, что предусматривает создание ряда генетически различающихся и консолидированных линий животных. Эффективное решение этой задачи наряду с использованием традиционных методов селекции и зоотехнического анализа требует внедрения новых подходов, основанных непосредственно на оценке генотипа. Перспективным приемом селекции в этой связи является использование ДНК-микросателлитов, на долю которых приходится до 30 % генома сельскохозяйственных животных. Высокополиморфный характер и менделевский тип наследования микросателлитов делает их идеальным инструментом выявления степени генетических различий между породами, группами (линиями) животных, оценки и управления степенью инбридности, поддержания оптимального уровня гетерозиготности стада, сохранения в потомстве уникальных генетических профилей, определенных линиям, стадам, типам и породам свиней.

Исследования по построению генетических профилей линейной структуры породы проведены в 2005 году на хряках в РСУП «СГЦ «Заднепровский» Витебской области и племзаводе «Индустрия» Минской области по методикам ПЦР-анализа микросателлитов в лаборатории молекулярной генетики ВИЖ. Исследовано 8 генеалогических линий свиней крупной белой породы и хряки породы йоркшир. По данным бонитировки за 2005 год, свиноматки крупной белой породы имели следующие показатели продуктивности: многоплодие – 11,4 поросенка, молочность – 65,4 кг, выход поросят к отъему – 10,1 голов, масса гнезда в 2-месячном возрасте – 204, 5 кг. По результатам контрольного откорма 2005 года, молодняк создаваемой крупной белой породы имел среднесуточный прирост 785 г при затратах корма 3,58 к. ед. на 1 кг прироста. В производственных испытаниях при откорме 35 тыс. голов крупной белой породы на промышленном комплексе ЗАО «Назаровское» Назаровского района Красноярского края РФ был достигнут среднесуточный прирост 705 г при затратах корма на 1 кг прироста 4,3 кг.

Была поставлена цель: построить и проанализировать генетические профили свиней создаваемой крупной белой породы с использованием

в качестве инструмента ДНК-микросателлитов с целью характеристики и оптимизации линейной структуры стада.

Материалом для исследований служили пробы ткани (ушной выщип) основных и проверяемых хряков крупной белой породы РСУП «СПЦ «Заднепровский» Оршанского района Витебской области в количестве 48 голов, в том числе линий: Драчуна – 8 голов; Свата – 7 голов; Свитанка – 6 голов; Секрета – 4 головы; Скарба – 6 голов; Смыка – 3 головы; Сталактита – 4 головы; Сябра – 10 голов. Исследовались также 5 ремонтных хрячков породы йоркшир, завезенных из Канады с целью улучшения откормочных и мясных качеств.

Выделение ДНК и анализ ДНК проводили по методикам Центра биотехнологии и молекулярной диагностики ВИЖ. Для характеристики микросателлитного профиля использовали 12 микросателлитных локусов, рекомендованных Международным обществом генетиков (ISAG) в 2005 году, сформированных в две мультиплексные панели. Анализ проводили с использованием капиллярного генетического анализатора «MegaBace500» (AmershamBiosciences). Статистическую обработку результатов осуществляли с применением программ F-stat, PopGene32, MSA_WIN, Phylip и TreeView.

Проведенные исследования показали [98-А, с. 99-102] полиморфность всех используемых ДНК-микросателлитов. Число аллелей в локусах варьировало от 2 до 8 и составляло в среднем в линии линий Драчуна – $4,75 \pm 0,36$, Свата – $4,25 \pm 0,00$, Свитанка – $4,42 \pm 0,47$, Секрета – $3,67 \pm 0,24$, Скарба – $4,67 \pm 0,52$, Смыка – $3,17 \pm 0,22$, Сталактита – $3,67 \pm 0,30$, Сябра – $5,67 \pm 0,47$. Таким образом, наиболее генетически гетерогенными оказались линии Сябра, Драчуна и Скарба, наименее – Смыка, Секрета и Сталактита.

Данные о фактической и ожидаемой степени гетерозиготности в исследованных группах, рассчитанные на основании результатов анализа 12 локусов суммированы в таблице 3.1. Как показано в таблице 3.1, фактическая степень гетерозиготности в линиях, варьировала от 69,2 % в линии Драчуна до 76,7 % в линии Сталактита. В исследованных линиях хряков, за исключением линии Свитанка, наблюдалось снижение степени гетерозиготности от теоретически ожидаемой. Хотя достоверных различий между фактической и ожидаемой степенями гетерозиготности в линиях выявлено не было, следует отметить снижение степени гетерозиготности на 8,0 % в линии Сябра и на 6,7 % в линии Смыка.

Таблица 3.1 – Фактическая и ожидаемая степени гетерозиготности в исследуемых линиях свиней типа «Заднепровский» крупной белой породы

Линия хряков	Степень гетерозиготности		
	наблюдаемая*	ожидаемая	отклонения, ±
Смык	0,625±0,068	0,692±0,054	-0,067
Сябр	0,685±0,059	0,765±0,031	-0,08
Сталактит	0,688±0,086	0,699±0,057	-0,011
Скарб	0,715±0,063	0,751±0,042	-0,036
Свитанок	0,722±0,089	0,702±0,053	0,02
Йоркширы	0,725±0,062	0,768±0,032	-0,043
Секрет	0,729±0,050	0,744±0,032	-0,015
Сват	0,732±0,040	0,725±0,032	0,007
Драчун	0,752±0,041	0,761±0,029	-0,009

* последовательность линий дана в порядке увеличения наблюдаемой степени гетерозиготности

Наличие специфических для каждой из линий аллелей (приватных аллелей) может рассматриваться в качестве одного из критериев характеристики генетической удаленности линий. Наибольшее число приватных аллелей (5) было обнаружено у хряков линии Сябра, что свидетельствует об ее наибольшей генетической изолированности и об ограничении обмена генами с другими линиями. В линиях Свата и Скарба выявлено 3 приватных аллеля, в линии Секрета – 2 приватных аллеля, что является указанием на их относительно высокую степень изолированности от других линий. В линиях Смыка и Сталактита приватные аллели обнаружены не были, что свидетельствует об их меньшей изоляции (табл. 3.2).

Таблица 3.2 – Число приватных аллелей в исследуемых линиях хряков

Локус*	Число приватных аллелей в исследуемых линиях**								
	Сябр	Сват	Скарб	Секрет	Драчун	Свитанок	Йоркширы	Сталактит	Смык
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
S0155					1				
S0355			1						
S0386	1								

Продолжение таблицы 3.2

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
SW24	2	1		2			1		
SW72		1	1						
SW951	1								
SW911						1			
SW936	1	1	1						
Итого	5	3	3	2	1	1	1	0	0

* указаны только те локусы, в которых были выявлены приватные аллели

** последовательность линий дана в порядке уменьшения числа приватных аллелей

Оценку степени инбредности исследуемых линий проводили на основании анализа индекса фиксации F_{is} . Данный показатель количественно отражает отклонение частот встречаемости гетерозиготных генотипов от теоретически ожидаемой (по Харди-Вайнбергу) доли гетерозигот при случайном спаривании внутри популяции. Как показано в таблице 3.3, индекс F_{is} имеет положительное значение, что указывает на нехватку гетерозигот – 4,05 % (разница достоверна, $P=0,0002$), что можно расценивать как указание на некоторую несбалансированность исследуемой группы хряков по числу гетерозигот. Подтверждением этому является рассчитанное значение индекса F_{it} , которое в среднем по 12 локусам составило 0,0652, что также свидетельствует о нехватке гетерозигот (6,52 %) и несбалансированности всей выборки хряков в целом по количеству гетерозигот. Значение индекса F_{st} , служащего критерием генетических различий между исследованными линиями и всей выборкой в целом, в среднем составляло 2,58 %, что можно рассматривать в качестве одного из доказательств хорошо выраженной линейной структуры Заднепровского типа свиней.

Таблица 3.3 – Генетические различия внутри и между линиями по показателям F -статистики

Локус	F_{is}	P	F_{it}	F_{st}
1	2	3	4	5
S0155	-0,0257	0,4278	-0,0292	-0,0034
S0355	0,2697	0,0251	0,2993	0,0405
S0386	-0,0422	0,3496	-0,0412	0,0010
SW24	0,3123	0,0286	0,3273	0,0218
SW72	0,1477	0,3881	0,1479	0,0003
SW951	0,1507	0,0492	0,1925	0,0492
S0101	-0,0354	0,0021	0,0537	0,0861

Продолжение таблицы 3.3

1	2	3	4	5
SW240	0,0231	0,146	0,0434	0,0208
SW857	-0,0317	0,0853	-0,0029	0,0279
S0228	-0,1493	0,0404	-0,1168	0,0283
SW911	-0,0764	0,2417	-0,0594	0,0158
SW936	-0,0853	0,0847	-0,0693	0,0148
все 12 маркеров	0,0405	0,0002	0,0652	0,0258

Для оценки генетических различий между линиями использовали ряд критериев: (1) наличие частных аллелей при парном сравнении линий, (2) значение индексов фиксации F_{st} при парном сравнении линий и (3) генетические расстояния, рассчитанные по Nei .

Парное сравнение исследуемых линий по числу частных аллелей, приведенное в таблице 3.4, показывает, что наибольшие различия наблюдаются между линиями Скарб – Смык (38), Сябр – Смык (34) и Сябр – Секрет (34), а наименьшие – между линиями Сват – Секрет (18), Скарб – Сябр (22), Сват – Сталактит (22), Сват – Сябр (22). Завезенная для ремонта из Канады группа хрячков породы йоркшир оказалась наиболее генетически близка линии Сталактита и наиболее удалена от линии Смыка.

Таблица 3.4 – Число частных аллелей при парном сравнении линий

Линии хрячков	Число частных аллелей при парном сравнении								
	Драчун	Йоркширы	Сват	Свитанок	Секрет	Скарб	Смык	Сталактит	Сябр
Драчун	*	26	28	29	31	28	29	23	24
Йоркширы		*	26	25	28	27	35	23	27
Сват			*	27	18	27	29	22	22
Свитанок				*	28	33	27	29	25
Секрет					*	34	29	24	34
Скарб						*	38	29	22
Смык							*	32	34
Сталактит								*	28
Сябр									*

Это генетическое сходство можно объяснить значительной степенью «прилития крови» (до 25-50 %) породы йоркшир финской, шведской, английской и канадской селекции к крупной белой породе в 70-90-х годах прошлого века и в настоящее время для улучшения мясотокомочных качеств.

Значения индекса фиксации F_{st} при парном сравнении являются одним из критериев оценки генетических различий между линиями (таблица 3.5).

Таблица 3.5 – Индексы фиксации F_{st} при парном сравнении исследуемых линий хряков

Порода	Значение индекса фиксации F_{st}								
	Драчун	Йоркширы	Сват	Свитанок	Секрет	Скарб	Смык	Сталактит	Сябр
Драчун	*	0,0264	0,0172	0,0064	0,0299	0,0196	0,0438	0,0015	0,0206
Йоркширы	0,0264	*	0,0097	0,0537	0,0285	0,0253	0,0531	0,0274	0,0060
Сват	0,0172	0,0097	*	0,0235	0,0098	0,0065	0,0786	0,0120	0,0165
Свитанок	0,0064	0,0537	0,0235	*	0,0654	0,0215	0,1173	0,0287	0,0262
Секрет	0,0299	0,0285	0,0098	0,0654	*	0,0336	-0,0082	0,0164	0,0238
Скарб	0,0196	0,0253	0,0065	0,0215	0,0336	*	0,0933	0,0007	0,0079
Смык	0,0438	0,0531	0,0780	0,1173	-0,0082	0,0933	*	0,0720	0,0348
Сталактит	0,0015	0,0274	0,0120	0,0287	0,0164	0,0007	0,0720	*	0,0423
Сябр	0,0206	0,0060	0,0165	0,0262	0,0238	0,0079	0,0348	0,0423	*

Как показано в таблице 3.5, минимальными значениями индекса фиксации F_{st} при парном сравнении характеризовались линии Сталактит-Скарб, Сталактит-Драчун, Драчун-Свитанок, Сват-Скарб, Скарб-Сябр. Наиболее генетически удаленными оказались линии Секрет-Свитанок, Сват – Смык. Группа хрячков породы йоркшир канадской селекции оказалась наиболее генетически близкой линии Сябра и наиболее изолированной от линий Свитанка и Смыка.

Выявленные различия подтверждаются данными расчета генетических дистанций между исследуемыми линиями, приведенными в числовом выражении (таблица 3.6) и в виде генеалогического дерева (рисунк 3.1).

Анализ полученных данных показывает, что наибольшей генетической удаленностью характеризовалась линия Смыка, которые в свою очередь была наиболее близка линии Секрета, с которой она формировала общий кластер. Завезенные из Канады хрячки породы йоркшир были наиболее близки линии Сябра, с которой они формировали отно-

сительно удаленный от других пород кластер. Близким генетическим родством отличаются линии Скарба и Сталактита. Отдельную от других линий ветвь формирует линия Свитанка. Это можно объяснить тем, что в составе этой линии кровность английского йоркшира достигает 15-35 %.

Таблица 3.6 – Генетические расстояния между исследуемыми линиями хряков Заднепровского типа крупной белой породы (по Nei, 1983)

Порода	Генетические расстояния								
	Драчун	Йоркширы	Сват	Свитанок	Секрет	Скарб	Смык	Сталактит	Сябр
Драчун	*	0,0392	0,0845	0,2693	0,0548	0,0474	0,0337	0,368	0,036
Йоркширы	n.s.	*	0,1922	0,0081	0,0682	0,0444	0,0277	0,097	0,2113
Сват	n.s.	n.s.	*	0,0812	0,2226	0,196	0,0038	0,223	0,0843
Свитанок	n.s.	n.s.	n.s.	*	0,0023	0,0788	0,0005	0,119	0,0324
Секрет	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	*	0,0309	0,3984	0,2290	0,0676
Скарб	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	*	0,0001	0,2620	0,1417
Смык	n.s.	n.s.	n.s.	0,018	n.s.	0,0036	*	0,022	0,0352
Сталактит	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	*	0,0147
Сябр	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	*

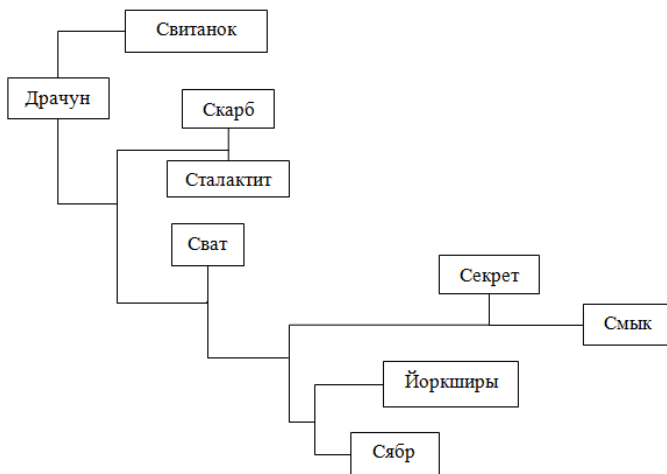


Рисунок 3.1 – Дендрограмма филогенетического родства линий хряков Заднепровского типа крупной белой породы

На основании проведенных нами исследований линий свиней Заднепровского типа создаваемой крупной белой породы (БКБП) можно сделать заключение, что выбранные микросателлитные локусы обладают достаточно высокой степенью полиморфизма (среднее число аллелей на локус составляет от 3,2 в линии Смыка до 5,7 в линии Сябра). Это позволяет считать данный тест надежным инструментом для характеристики генетической структуры исследуемой популяции, а также критерием оценки генетических различий между линиями. Фактическая степень гетерозиготности, рассчитанная по 12 локусам в линиях сильно варьировала: от 62,5 % в линии Смыка до 75,2 % в линии Драчуна, что позволяет сделать вывод о том, что формирование линейной структуры созданного типа еще продолжается как объективный селекционный процесс. В большинстве исследованных линий наблюдался дефицит гетерозигот, что свидетельствует о несбалансированности отдельных линий, а так же всей популяции в целом по числу гетерозигот. В 6-ти из 8-ми исследованных линий были выявлены приватные, т. е. свойственные только этой линии хряков аллели, что свидетельствует об индивидуальности линий хорошей выраженности линейной структуры крупной белой породы. Наибольшее их число было обнаружено в линии Сябра (5). В линиях Сталактита и Смыка приватные аллели выявлены не были. Генетические различия между линиями, оцененные по значению индекса фиксации F_{st} , составляли 2,58 %, что свидетельствует о хорошо выраженной линейной структуре стада и говорит об относительно высоком уровне селекционно-племенной работы с линиями хряков в породе.

Рассчитанные генетические дистанции, а также формирующаяся кластерная структура генеалогического древа позволяют сделать вывод о наибольшей генетической удаленности линии Смыка. Линия Свитанка, по всей видимости, отличается несколько иным происхождением, что указывает на возможности дальнейшего селекционного прогресса.

Исходя из полученных данных, можно предположить, что между линиями Скарба и Сталактита, Секрета и Смыка происходил более интенсивный обмен генов в процессе кроссирования, что проявилось в уменьшении генетических различий между ними, при этом линия Смыка в последнее время ведется относительно изолировано от линии Секрета. Линия Свитанка отличается от других линий несколько иным направлением селекции. Линия Драчуна несет в себе черты остальных линий, как родоначальница, от которой произошли другие. Аналогичные данные получены российскими селекционерами, которые установили, что в основном популяция свиней крупной белой породы имеет

общее происхождение от линий Драчуна и Сталактита. Данные линии были завезены в Беларусь в 60-70-х годах XX столетия.

В заключение следует отметить, что минимальные генетические различия между линиями Скарба и Сталактита позволяют вести их дальнейшую селекцию в виде единой линии. В случае необходимости редукции числа линий возможно также объединение линий Секрета и Смыка, как генетически близких друг другу.

3.2. Филогенетическая оценка свиней БКБ породы в сравнении с животными основных аналоговых породных групп в мире

Оценку прикладной значимости системы в выявлении различий между породами проводили на 6 группах свиней крупной белой породы и 4 группах свиней породы йоркшир различного происхождения, при этом 1 группа относилась к белорусской крупной белой породе.

Проведенный анализ показал, что фактическая степень гетерозиготности в группах свиней крупной белой породы варьировала в пределах 64,6-92,3 %. Фактическая степень гетерозиготности в группах животных породы йоркшир составила от 64,3 до 75,0 %.

В таблице 3.7 приведены данные об уровне гетерозиготности в изучаемых группах свиней. Как показано в таблице, в 7-ми из 10-ти изучаемых породных групп наблюдался дефицит гетерозигот, который варьировал от 2,78 % у свиней 2-й группы крупной белой породы до 11,5 % у свиней 3-й группы породы йоркшир (таблица 3.7).

Значительное превышение ожидаемой гетерозиготности относительно наблюдаемой зафиксировано в обеих популяциях канадских йоркширов: 6,4 и 11,52 %. В группах 1 (БКБ, австрийского йоркшира) и 3 (КБ) отмечено меньшее значение ожидаемой гетерозиготности относительно наблюдаемой.

Следует отметить, что показатель дефицита гетерозигот может рассматриваться в качестве одного из критериев характеристики консолидированности популяции свиней.

Для закрепления селекционных признаков в специализированных линиях практикуют умеренный инбридинг, который приводит к некоторому снижению гетерозиготности.

Для кроссов линий, наоборот, свойственно повышение уровня гетерозиготности. Проведенный сравнительный анализ породных групп свиней показал, что наименьшей степенью гетерозиготности характеризовались животные породы йоркшир французской селекции.

Это позволяет сделать вывод, что эти свиньи принадлежат к одной специализированной линии, разведение которой «в себе» без учета

степени генетического родства, несомненно, приведет к дальнейшему снижению гетерозиготности и, как следствие, к проявлению летальности потомства, снижению продуктивности. Поддержание этой специализированной линии возможно только при проведении подборов пар с учетом генетического сходства родителей.

Среднее число аллелей на локус, с одной стороны, является одним из показателей информативности системы анализа, с другой стороны, служит критерием характеристики генетического разнообразия исследуемых групп животных. Проведенные исследования показали, что среднее число аллелей в локусе у свиней крупной белой породы варьировало от 4,17 до 7,33 и в среднем составило $5,76 \pm 1,81$. Число аллелей в локусах в группах животных породы йоркшир варьировало от 3,83 до 7,75 и в среднем составило $5,24 \pm 1,57$. Таким образом, используемая система анализа ДНК-МС является информативной для характеристики изучаемых групп свиней.

Значения индекса фиксации F_{st} при парном сравнении являются одним из критериев оценки генетических различий между группами свиней (табл. 3.7).

Таблица 3.7 – Характеристика уровня гетерозиготности и среднего числа аллелей в локусе ДНК-микросателлитов в породных группах животных

Группа животных	Степень гетерозиготности		Дефицит гетерозигот	Среднее число аллелей
	наблюдаемая	ожидаемая		
БКБ1(белор-я)	0,731±0,144	0,725±0,082	-0,66	6,25±1,76
КБ2(русски-е)	0,649±0,098	0,677±0,061	2,78	4,17±0,94
КБ3	0,741±0,111	0,689±0,088	-5,19	5,80±1,55
КБ4	0,597±0,065	0,639±0,071	4,19	5,45±1,86
КБ5	0,670±0,106	0,717±0,067	4,67	5,58±1,68
КБ6	0,703±0,133	0,753±0,087	4,95	7,33±3,08
Й австр.	0,700±0,140	0,694±0,094	-0,59	4,83±1,47
Й канад. (1)	0,622±0,093	0,737±0,076	11,52	7,75±2,22
Й канад. (2)	0,598±0,172	0,662±0,088	6,40	4,58±1,24
Й франц.	0,484±0,233	0,512±0,198	2,79	3,83±1,34

Результаты генетических дистанций между исследуемыми группами свиней в виде генеалогического дерева показаны на рисунке 3.2. Родственные связи групп свиней пород крупная белая и йоркшир оп-

ределялись их породной принадлежностью. Так, генетическое сходство групп свиней крупной белой породы друг с другом варьировало от 72,6 до 92,8 % и в среднем составляло 80,6 %, в то время как с австрийским йоркширом – 78,4 % (от 73,4 до 85,4 %), с двумя группами канадских йоркширов – 78,4 % (от 74,8 до 82,0 %) и 74,7 % (от 66,4 до 78,5 %), с французским йоркширом – 72,7 % (от 63,8 до 77,6 %). Таким образом, наибольшей удаленностью от исследованных групп свиней характеризуются французские йоркширы.

Белорусская популяция свиней КБ породы ближе всего по происхождению к КБ (московский тип) и двум популяциям йоркшира канадской селекции. Это связано с тем, что исторически возрождаемые после второй мировой войны белорусские племзаводы комплектовались из заводов Московской области: «Константиново», «Большое Алексеевское» и «Ачкасово». У наших заводов до сих пор сохранились одинаковые клички хряков в генеалогических линиях и семейств свиноматок (Сталактиты, Драчуны, Дельфины, Сваты и Черные Птички, Сои, Тайга и др.). Схожесть «кровей» с животными породы йоркшир канадской селекции связана с реализацией программы вводного скрещивания (до 25 %), закладки специализированных мясооткормочных линий в последние 10 лет. Более того, около 30 % популяции белорусской крупной белой породы преобразовано (методом поглотительного скрещивания) в йоркширские популяции европейского корня.

Реализация данной селекционной программы обеспечила значительный селекционный, адаптационный и экономический эффект для отрасли свиноводства за счет импортозамещения, более высокой скороспелости, резистентности товарного молодняка и повышения количества и качества свинины.

Аналогичные процессы происходят и в ряде племпредприятий России, где для улучшения мясных и откормочных показателей свиней крупной белой породы используются свиньи породы йоркшир зарубежной селекции, среди которых большой процент приходится на животных канадской селекции. Относительное близкое родство с австрийским йоркширом, по всей видимости, обусловлено использованием канадскими селекционерами в своих селекционных программах свиней этой породы.

В результате анализа свиней породы йоркшир зарубежной селекции установлено наибольшее родство двух групп йоркширов канадской селекции, а также групп йоркширов австрийской и французской селекции, что объясняется географической близостью этих двух пар популяций, а, следовательно, и большей вероятностью использования

хряков сходного происхождения. Наибольшей обособленностью в породе йоркшир характеризовались животные французской селекции. Отсутствие формирования кластеров по породному принципу указывает на общность предков, как внутри популяций, так и между популяциями свиней крупной белой породы и йоркшир.

В данном случае для свиноводческой отрасли страны отмечается положительная тенденция роста продуктивности, связанного с завозом свирей породы йоркшир французской селекции и созданием на их основе трех «нуклеусов».

В настоящее время созданы заводские стада и апробирован тип породы йоркшир «Днепробугский» на базе племхозов: ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита», ОАО «Василишки» и племфермы ОАО МНПЗ, которые комплектовались французскими племенными компаниями.

Индивидуальная характеристика животных по ДНК-МС и расчетные значения доли общих аллелей для каждого индивидуума являются одним из критериев генетического сходства животных друг с другом внутри группы. Принадлежность животного к какой-либо популяции определяется расчетом, основанном на генотипе каждого животного по ДНК-МС, а также на количестве и частоте встречаемости общих для каждой из популяций аллелей (по Paetkau). Как показано в таблице 3.8, вероятность отнесения к собственной популяции по ДНК-МС для исследованных групп свиней составила 86,4 %.

Таблица 3.8 – Анализ групповой принадлежности исследованных животных

Порода	Породная группа	Принадлежность к своей группе, %
Крупная белая	1 КБ (белорусская)	92,50
	2 КБ (российские)	42,86
	3	83,83
	4	98,48
	5	69,23
	6	89,79
Йоркшир	Австрийский	80,00
	Канадский (1)	88,24
	Канадский (2)	91,07
	Французский	97,22

Наибольшей консолидацией характеризуются свиньи двух групп крупной белой породы (1 и 4) и йоркширы французской и канадской

(группа 2) селекции. Этот факт указывает на то, что эти популяции свиней крупной белой породы разводились, замкнуто или в их селекции использовались свиньи иного происхождения. Высокая консолидация трех групп свиней породы йоркшир объясняется их иным географическим происхождением, что существенно снижает вероятность использования в селекционных программах с этими свиньями общих предков.

Проведенные нами исследования показывают, что генетическое сходство или, наоборот, различие животных не всегда определяется их географической и породной принадлежностью (рис. 3.2).

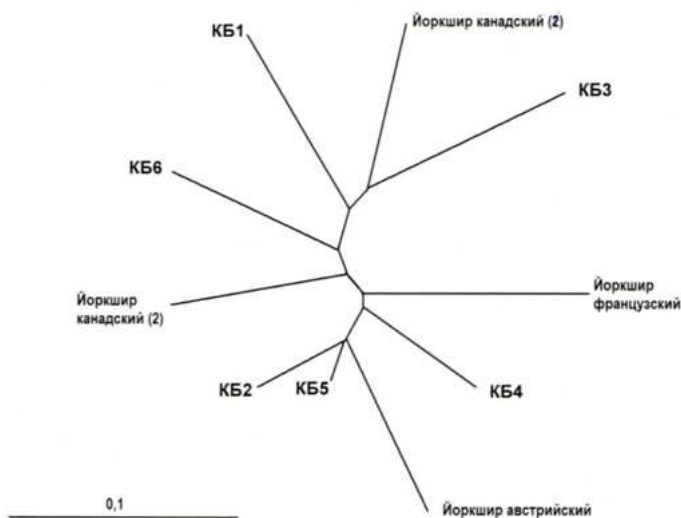


Рисунок 3.2 – Дендограмма генеалогического родства исследуемых групп свиней пород; крупная белая и йоркшир

Это является следствием того, что в селекционных программах со свиньями во всем мире, в том числе и в Республике Беларусь, для снижения инбридинга и улучшения отдельных селекционных признаков широко практикуется использование генетического материала извне. Так, по нашим данным и анализу ученых ВИЖ [156, с. 274-278; 130, 113, 114, 115, 109] родословных свиней ряда Канадских фирм-производителей племенного материала, входящих в систему Канадского национального нуклеуса и осуществляющих регистрацию своих племенных животных через Канадскую корпорацию по учету племен-

ного скота, показывает активный обмен «генетикой» между фермами внутри Канады, а также использование зарубежных йоркширов из Англии, Финляндии, США, Франции. В этой связи для повышения генетического разнообразия внутри стад, минимизации инбридинга, а также для улучшения отдельных селекционных признаков за счет использования племенного материала извне (из других племпредприятий страны или из-за рубежа) следует исходить не только из породной принадлежности животных, но и из их истинного генетического сходства, выявленного на основании анализа ДНК.

3.3. Контроль происхождения

Пригодность системы для контроля достоверности происхождения свиней была доказана в сравнительных исследованиях потомства свиней, происхождение которых было предварительно подтверждено на основании анализа групп крови. Последующее применение системы показало ее высокую информативность в выявлении ошибочных записей в происхождении животных.

Проиллюстрируем это на примере 5-ти гнезд (отец - мать - потомки) белорусской крупной белой породы. На основании результатов проведенного совместно с коллегами из ВИЖ ДНК-анализа было выявлено 1 животное, отличающееся генотипом от родителей по 9 из 12 исследованных локусов (SW24, SW72, SW951, S0155, S0386, SW240, SW857, SW911, S0228) (таблица 3.9) [156, с. 240-242].

Таблица 3.9 – Генотипы родителей и потомства по ДНК-микросателлитам

МС-панель 1												
	S0155		S0355		S0386		SW24		SW72		SW951	
отец	161	163	262	276	181	188	110	116	112	112	126	126
потомок	163	163	262	262	179	179	97	116	112	114	126	128
мать	161	161	262	276	171	181	116	116	104	112	126	130
МС-панель 2												
отец	211	213	255	274	93	93	150	158	158	158	95	112
потомок	211	211	253	257	98	115	154	158	162	168	99	112
мать	211	211	255	257	108	108	158	158	158	162	97	99

*Аллели поросенка, отличающиеся как от аллелей отца, так и от аллелей матери и указывающие на иное происхождение потомка, выделены цветовой заливкой

В качестве примера приведены здесь же микросателлитные профи-

ли двух других поросят этого гнезда, у которых, как и ожидается в случае прямого родства, зафиксировано 100%-ное наследование родительских аллелей.

Характеристика животных по микросателлитам и расчетные значения пропорций общих аллелей для каждой особи позволяют наиболее точно определить, находятся ли животные, составляющие общую группу, в близком родстве. Филогенетическое дерево (индивидуальное), построенное с использованием информации о генотипе по ДНК-микросателлитам для исследованных животных пяти гнезд, представлено на рисунке 3.3, где отчетливо прослеживается формирование родственными животными отдельных ветвей, свидетельствующих о генетическом сходстве.

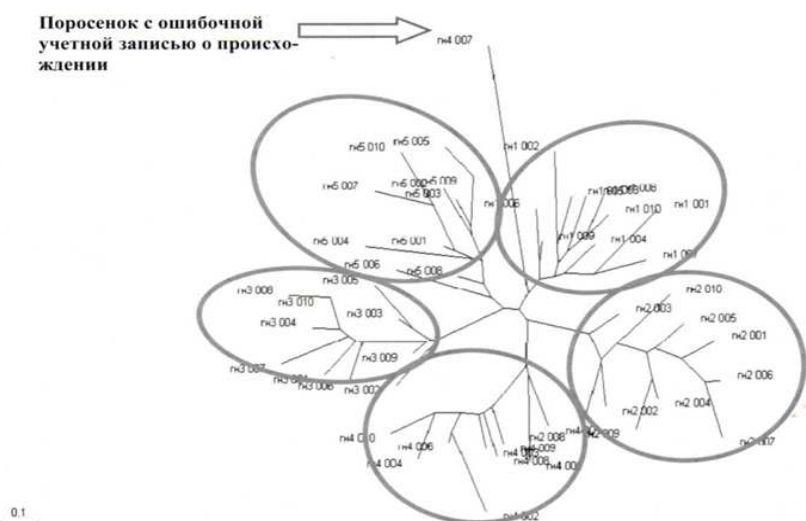


Рисунок 3.3 – Дендограмма родственных связей 5 гнезд поросят с родителями, построенная на основании анализа ДНК-микросателлитов

На ложное происхождение одного поросенка указывает удаленное расположение его от собственного кластера. Таким образом, ДНК-микросателлиты могут с успехом использоваться в диагностике происхождения свиней. Следовательно, данную методику необходимо широко внедрять в практику селекционной работы для генетического контроля происхождения, когда возникают сомнения в учетных племенных записях.

3.4. Результаты молекулярно-генетического исследования племенных хряков на госплемпредприятиях Республики Беларусь

3.4.1. Генетическая экспертиза породности и линейности хряков немецкой селекции Брестского генетического центра по свиноводству

Целью настоящей работы явилось определение микросателлитного профиля хряков Брестского племпредприятия Республики Беларусь с целью определения породной принадлежности и подтверждения чистопородности животных. Скрининг проводили у 20-ти хряков, в т.ч. 12-ти хряков породы йоркшир и 8-ми хряков породы ландрас.

Определение микросателлитного профиля свиней проводили по методикам Центра биотехнологии и молекулярной диагностики ГНУ «ВНИИЖ», используя интернациональную панель, рекомендованную Международным обществом генетики животных. Набор маркеров для анализа включал локусы S0155, S0355, S0386, SW72, SW951, S0101, SW240, SW857, S0228, SW911 и SW936.

Статистическую обработку данных проводили с использованием программного обеспечения Structure, версии 2.3.1. (2009 г.), GenAlEx, версии 6 (2006 г.) и PhylipTreeView (2005).

Породную принадлежность животных оценивали по критерию Q – коэффициенту членства каждой из особей в соответствующей популяции (кластере), используя базовый метод, описанный Pritchard с соавторами [2000] (Structure, версия 2,0) с модификацией для малых выборок, предложенной Hubisz с соавторами [2009] (Structure, версия 2,0). Ранее нами было установлено для «чистых линий» критерий Q составляет 0,9 и выше.

Результаты анализа определения принадлежности хряков к «чистым линиям» представлены в таблице 3.10 и в графическом выражении на рисунке 3.4. При проведении анализа мы исходили из того, что анализируемые образцы относятся к двум неродственным популяциям.

Как следует из приведенных данных, исследуемое поголовье хряков генетически не может быть отнесено к «чистым линиям», так как коэффициент членства каждой из особей в собственной популяции составляет менее 0,9.

Таблица 3.10 – Результаты анализа оценки линейности животных

№ п/п	№ ВИЖ	Инд. №	Порода	Критерий Q		Линейность «чистые линии»
				Й	Л	
1	2	3	4	5	6	7
1	14412	12380	Йоркшир	0,577	0,423	НЕТ
2	14413	12512	Йоркшир	0,643	0,357	НЕТ
3	14414	112544	Йоркшир	0,652	0,348	НЕТ
4	14415	12537	Йоркшир	0,652	0,348	НЕТ
5	14416	112213	Йоркшир	0,328	0,672	НЕТ
6	14417	12209	Йоркшир	0,513	0,487	НЕТ
7	14418	112214	Йоркшир	0,407	0,593	НЕТ
8	14419	112456	Йоркшир	0,596	0,404	НЕТ
9	14420	12460	Йоркшир	0,427	0,573	НЕТ
10	14421	12131	Йоркшир	0,563	0,437	НЕТ
11	14422	12357	Йоркшир	0,665	0,335	НЕТ
12	14423	12704	Йоркшир	0,664	0,336	НЕТ
13	14424	12464	Ландрас	0,363	0,637	НЕТ
14	14425	12485	Ландрас	0,450	0,550	НЕТ
15	14426	12494	Ландрас	0,491	0,509	НЕТ
16	14427	12031	Ландрас	0,445	0,555	НЕТ
17	14428	12605	Ландрас	0,465	0,535	НЕТ
18	14429	12756	Ландрас	0,353	0,647	НЕТ
19	14430	12291	Ландрас	0,416	0,584	НЕТ
20	14431	12700	Ландрас	0,554	0,446	НЕТ

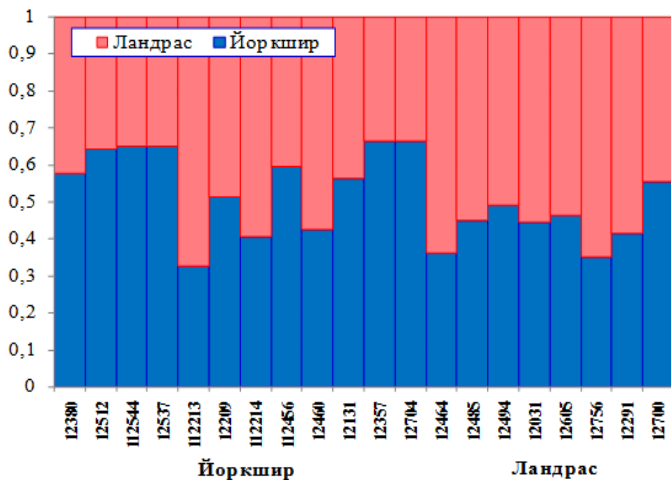


Рисунок 3.4 – Результаты анализа оценки линейности хряков

ПРИМЕР.

Для сравнения на рисунке 3.5 показаны результаты анализа линейности хряков пород крупная белая и ландрас импортной селекции одного из племенных предприятий России [156].

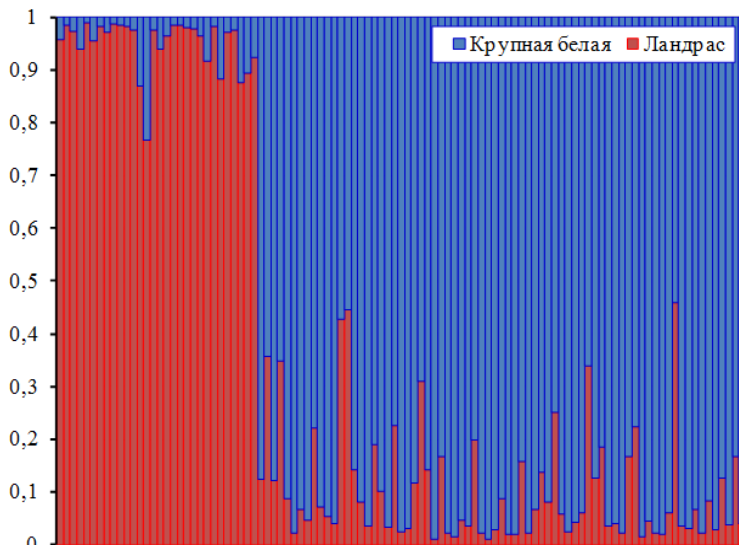


Рисунок 3.5 – Результаты анализа оценки линейности хряков

Как следует из данных рисунка 3.5, коэффициент членства хряков породы ландрас в собственной популяции варьировал от 0,766 до 0,985 и у 25 из 30 исследованных был выше 0,9. На основании полученных данных была подтверждена породная принадлежность всех хряков и доказана линейность 25 из 30 хряков. У ряда хряков крупной белой породы, напротив, отмечается наличие крови ландрасов. Была доказана линейность лишь 46 из 73 хряков крупной белой породы, коэффициент членства которых в собственной популяции был выше 0,9. Для 20 хряков, имеющих коэффициенты членства 0,75 выше, была подтверждена породная принадлежность. Остальные 7 хряков были идентифицированы как помеси.

Анализ данных таблицы 3.10 показывает, что коэффициенты членства в собственной популяции у йоркширов варьируют от 0,328 до 0,664, а у ландрасов – от 0,446 до 0,667. Это свидетельствует о том, что данные популяции не являются изолированными и в селекции хряков обоих пород использовались общие предки (под общими предками в

данном случае понимаются не конкретные индивидуумы, а особи, принадлежащие к другой (третьей) популяции, при этом третья популяция может быть представлена, как животными третьей породы, так и животными одной из анализируемых пород, однако имеющей иное географическое происхождение). В пользу наличия общих предков свидетельствует также значение индекса фиксации F_{st} , равное 0,05, что указывает на то, что доля межпородных различий между хряками пород йоркшир и ландрас составляет лишь 5 %, а на внутривидовые различия приходится 95 %. Для сравнения на долю межпородных различий между чистопородными йоркширами и ландрасами приходится 7,1-9,6 %.

Результаты анализа породной принадлежности хряков, основанные на анализе членства каждого из хряков в трех популяциях (2 исходные и третья, используемая для улучшения), обобщены в таблице 3.11 и на рисунке 3.6.

Таблица 3.11 – Результаты анализа породной принадлежности хряков

№ п/п	№ ВИЖ	Инд. №	Порода	Критерий Q			Породная принадлежность
				Й	Л	Поп. 3	
1	14412	12380	Йоркшир	0,141	0,731	0,128	НЕТ
2	14413	12512	Йоркшир	0,696	0,201	0,103	Да
3	14414	112544	Йоркшир	0,915	0,045	0,039	Да, ч/п
4	14415	12537	Йоркшир	0,889	0,047	0,065	Да, ч/п
5	14416	112213	Йоркшир	0,035	0,103	0,862	НЕТ
6	14417	12209	Йоркшир	0,426	0,093	0,481	НЕТ
7	14418	112214	Йоркшир	0,174	0,138	0,688	НЕТ
8	14419	112456	Йоркшир	0,578	0,258	0,164	Да
9	14420	12460	Йоркшир	0,232	0,159	0,61	НЕТ
10	14421	12131	Йоркшир	0,549	0,305	0,146	Да
11	14422	12357	Йоркшир	0,925	0,041	0,034	Да, ч/п
12	14423	12704	Йоркшир	0,888	0,075	0,037	Да, ч/п
13	14424	12464	Ландрас	0,128	0,149	0,723	НЕТ
14	14425	12485	Ландрас	0,072	0,699	0,229	Да
15	14426	12494	Ландрас	0,232	0,517	0,251	НЕТ
16	14427	12031	Ландрас	0,111	0,737	0,152	Да
17	14428	12605	Ландрас	0,361	0,168	0,472	НЕТ
18	14429	12756	Ландрас	0,042	0,389	0,57	НЕТ

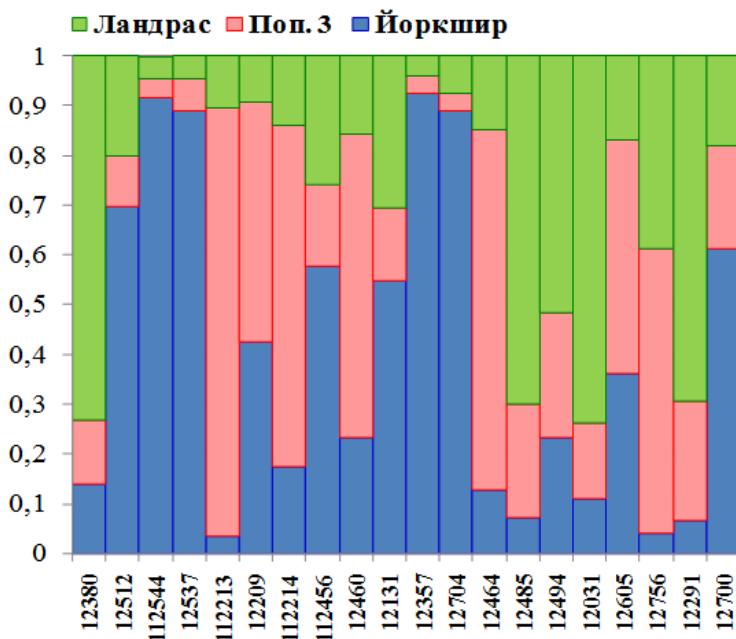


Рисунок 3.6 – Результаты анализа породной принадлежности хряков

Как следует из данных таблицы 3.11 и рисунка 3.6, генетическое сходство хряков пород йоркшир и ландрас обусловлено использованием в их селекции животных третьей породы (популяции), которая обозначена на рисунке более светлым цветом. Исходя из полученных данных, может быть подтверждена породная принадлежность следующих хряков:

7 хряков породы йоркшир: №№ 12512, 112544, 12537, 112456, 12131, 12357 и 12704, в том числе **4 хряка являются чистопородными** (№№ 112544, 12537, 12357 и 12704).

4 хряка породы ландрас: 12485, 12494, 12031 и 12291.

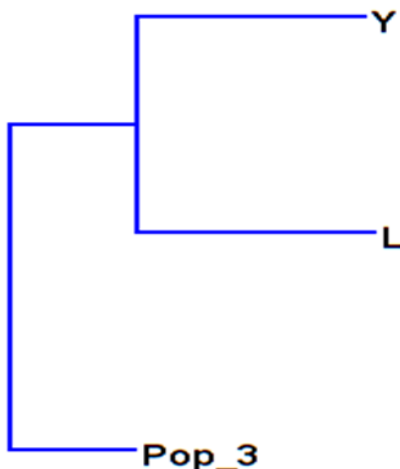
Хряк породы йоркшир № 12380 генетически близок ландрасам.

Хряк породы ландрас № 12700 генетически близок йоркширам.

Остальные 7 хряков (№№ 112213, 12209, 112214, 12460, 12464, 12605 и 12756) несут кровь третьей генетически иной популяции, однако имеют также долю крови, как йоркширов и ландрасов.

Основываясь на данных, представленных выше, а также на данных

генеалогического родства (рис. 3.7), можно предполагать, что животные третьей популяции (pop-3) использовались для улучшения, как йоркширов, так и ландрасов.



Примечание: Y – 8 хряков, генетически отнесенных к породе йоркшир, L – 5 хряков, генетически отнесенных к породе ландрас, Pop-3 – 7 хряков, большая доля крови которых относится к третьей популяции, генетически или географически отличной от анализируемых йоркширов и ландрасов.

Рисунок 3.7 – Дендограмма генеалогического родства хряков, посроенная по Nei [1983]

3.4.2. Результаты генетической экспертизы племенных хряков норвежской селекции Минского племпредприятия

Целью настоящей работы явилось определение микросателлитного профиля хряков Минского племпредприятия с целью определения породной принадлежности и подтверждения чистопородности животных. Скрининг проводили у 46-ти хряков, в т. ч. 18-ти хряков породы ландрас норвежской селекции, 2-х хряков породы ландрас канадской селекции, 24-х хряков породы йоркшир норвежской селекции и 2-х хряков породы йоркшир канадской селекции.

Результаты анализа определения породной принадлежности хряков представлены в таблице 3.12 и в графическом выражении на рисунке 3.8. При проведении анализа мы исходили из того, что анализируемые образцы относятся к двум породам.

Таблица 3.12 – Результаты анализа породной принадлежности хряков

№ п/п	№ ВИЖ	Порода	Пол	Критерий Q		Соответствие породе
				Л	И	
1	14532	Ландрас_Нор	хряк	0.991	0.009	Да
2	14533	Ландрас_Нор	хряк	0.991	0.009	Да
3	14534	Ландрас_Нор	хряк	0.989	0.011	Да
4	14535	Ландрас_Нор	хряк	0.974	0.026	Да
5	14536	Ландрас_Нор	хряк	0.993	0.007	Да
6	14537	Ландрас_Нор	хряк	0.991	0.009	Да
7	14538	Ландрас_Нор	хряк	0.990	0.010	Да
8	14539	Ландрас_Нор	хряк	0.985	0.015	Да
9	14540	Ландрас_Нор	хряк	0.984	0.016	Да
10	14541	Ландрас_Нор	хряк	0.885	0.115	Да
11	14542	Ландрас_Нор	хряк	0.992	0.008	Да
12	14543	Ландрас_Нор	хряк	0.992	0.008	Да
13	14544	Ландрас_Нор	хряк	0.985	0.015	Да
14	14545	Ландрас_Нор	хряк	0.915	0.085	Да
15	14546	Ландрас_Нор	хряк	0.968	0.032	Да
16	14547	Ландрас_Нор	хряк	0.967	0.033	Да
17	14548	Ландрас_Нор	хряк	0.192	0.808	Нет
18	14549	Ландрас_Нор	хряк	0.061	0.939	Нет
19	14550	Ландрас_Кан	хряк	0.584	0.416	?
20	14551	Ландрас_Кан	хряк	0.375	0.625	?
21	14552	Йоркшир_Нор	хряк	0.050	0.950	Да
22	14553	Йоркшир_Нор	хряк	0.028	0.972	Да
23	14554	Йоркшир_Нор	хряк	0.030	0.970	Да
24	14555	Йоркшир_Нор	хряк	0.009	0.991	Да
25	14556	Йоркшир_Нор	хряк	0.008	0.992	Да
26	14557	Йоркшир_Нор	хряк	0.015	0.985	Да
27	14558	Йоркшир_Нор	хряк	0.020	0.980	Да
28	14559	Йоркшир_Нор	хряк	0.029	0.971	Да
29	14560	Йоркшир_Нор	хряк	0.014	0.986	Да
30	14561	Йоркшир_Нор	хряк	0.019	0.981	Да
31	14562	Йоркшир_Нор	хряк	0.022	0.978	Да
32	14563	Йоркшир_Нор	хряк	0.021	0.979	Да
33	14564	Йоркшир_Нор	хряк	0.011	0.989	Да
34	14565	Йоркшир_Нор	хряк	0.013	0.987	Да
35	14566	Йоркшир_Нор	хряк	0.011	0.989	Да
36	14567	Йоркшир_Нор	хряк	0.010	0.990	Да
37	14568	Йоркшир_Нор	хряк	0.012	0.988	Да
38	14569	Йоркшир_Нор	хряк	0.029	0.971	Да
39	14570	Йоркшир_Нор	хряк	0.020	0.980	Да
40	14571	Йоркшир_Нор	хряк	0.021	0.979	Да
41	14572	Йоркшир_Нор	хряк	0.053	0.947	Да
42	14573	Йоркшир_Нор	хряк	0.041	0.959	Да
43	14574	Йоркшир_Нор	хряк	0.029	0.971	Да
44	14575	Йоркшир_Нор	хряк	0.017	0.983	Да
45	14576	Йоркшир_Кан	хряк	0.059	0.941	Да
46	14577	Йоркшир_Кан	хряк	0.062	0.938	Да

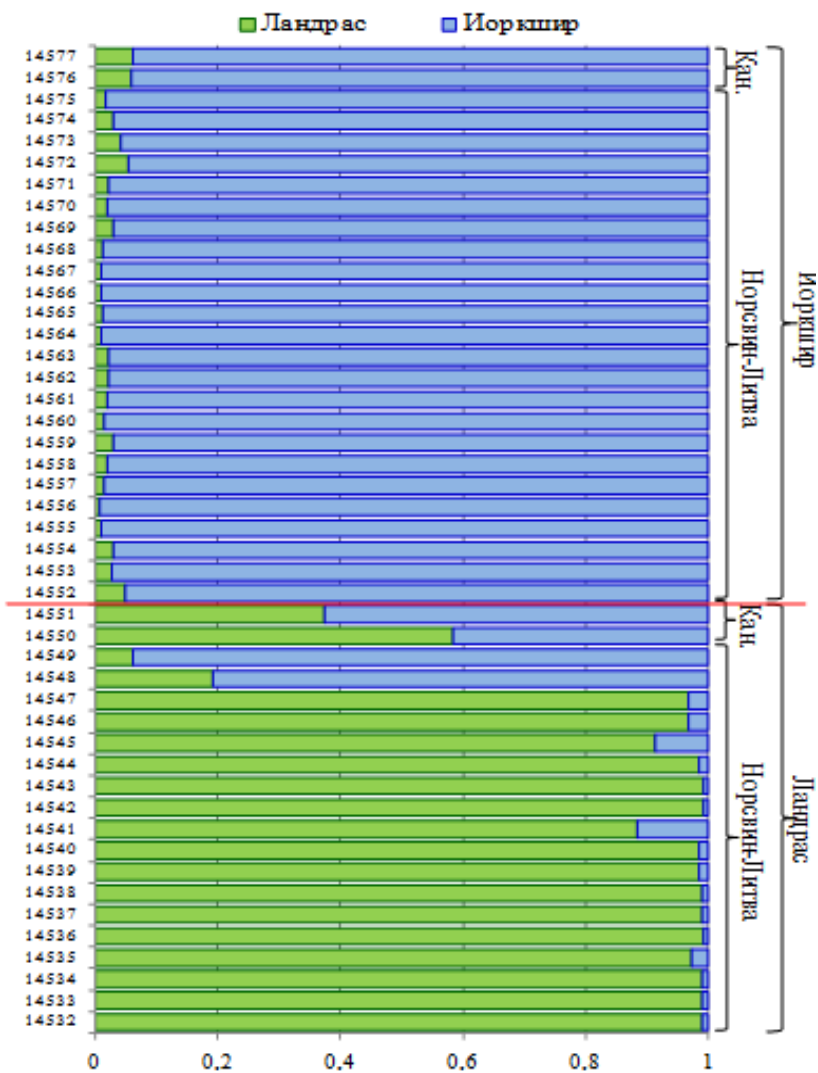


Рисунок 3.8 – Результаты анализа породной принадлежности хряков

Как показано в таблице 3.12 и на рисунке 3.8, породная принадлежность хряков может быть подтверждена у 16 и 18 хряков породы ландрас Норсвин-Литва и всех хряков породы йоркшир, как Норсвин-

Литва, так и канадской селекции. Не соответствует породная принадлежность двух хряков породы ландрас Норсвин-Литва (№№ 14548, 14549), которые генетически более близки йоркширам. Установлено, что хряки породы ландрас генетически более близки йоркширам, чем ландрасам по результатам молекулярно-генетического анализа.

Подтверждение их породной принадлежности требует дополнительных анализов (смотри ниже).

Учитывая географический аспект и то, что каждая из двух исследуемых пород представлена двумя географически различными популяциями, для установления генетических различий между хряками одной породы различного географического происхождения был проведен анализ в популяционном аспекте (4 популяции). Результаты такого анализа можно использовать для определения линейности животных, выявления наличия крови другой породы (популяции). Ранее нами было установлено для «чистых линий» критерий Q составляет 0,9 и выше. Результаты анализа представлены в таблице 3.13.

Таблица 3.13 – Результаты анализа линейности хряков

№ п/п	№ ВИЖ	Порода	Индив. номер	Критерий Q				Линейность
				Л Нор	Л Кан	Й 1	Й 2	
1	2	3	4	5	6	7	8	9
1	14532	Л_Нор		0,984	0,005	0,007	0,004	Да
2	14533	Л_Нор		0,989	0,004	0,004	0,004	Да
3	14534	Л_Нор		0,974	0,009	0,004	0,013	Да
4	14535	Л_Нор		0,939	0,03	0,026	0,005	Да
5	14536	Л_Нор		0,989	0,004	0,004	0,004	Да
6	14537	Л_Нор		0,983	0,010	0,005	0,003	Да
7	14538	Л_Нор		0,981	0,007	0,003	0,008	Да
8	14539	Л_Нор		0,979	0,009	0,006	0,006	Да
9	14540	Л_Нор		0,968	0,018	0,007	0,007	Да
10	14541	Л_Нор		0,876	0,011	0,098	0,015	Да
11	14542	Л_Нор		0,986	0,004	0,005	0,005	Да
12	14543	Л_Нор		0,984	0,005	0,005	0,006	Да
13	14544	Л_Нор		0,980	0,007	0,009	0,005	Да
14	14545	Л_Нор		0,905	0,019	0,056	0,02	Да
15	14546	Л_Нор		0,969	0,005	0,017	0,009	Да
16	14547	Л_Нор		0,952	0,015	0,017	0,016	Да
17	14548	Л_Нор		0,025	0,168	0,006	0,801	Нет, кровь Й, ветвь 2
18	14549	Л_Нор		0,027	0,711	0,192	0,071	Нет, кровь Й, ветвь 1
19	14550	Л_Кан		0,034	0,933	0,019	0,014	Да
20	14551	Л_Кан		0,054	0,866	0,062	0,018	Да
21	14552	Й_Нор		0,035	0,012	0,928	0,025	Да, ветвь 1
22	14553	Й_Нор	13784*	0,015	0,030	0,888	0,067	Да, ветвь 1
23	14554	Й_Нор		0,015	0,011	0,964	0,01	Да, ветвь 1
24	14555	Й_Нор		0,006	0,013	0,972	0,01	Да, ветвь 1
25	14556	Й_Нор		0,005	0,014	0,921	0,06	Да, ветвь 1
26	14557	Й_Нор		0,007	0,019	0,963	0,011	Да, ветвь 1
27	14558	Й_Нор		0,009	0,427	0,557	0,008	Нет, кровь Й_Кан
28	14559	Й_Нор		0,018	0,020	0,948	0,014	Да, ветвь 1

Продолжение таблицы 3.13

1	2	3	4	5	6	7	8	9
29	14560	Й_Нор		0,008	0,009	0,973	0,009	Да, ветвь 1
30	14561	Й_Нор		0,010	0,008	0,976	0,007	Да, ветвь 1
31	14562	Й_Нор		0,009	0,004	0,983	0,004	Да, ветвь 1
32	14563	Й_Нор		0,007	0,006	0,982	0,005	Да, ветвь 1
33	14564	Й_Нор		0,005	0,004	0,986	0,004	Да, ветвь 1
34	14565	Й_Нор		0,005	0,006	0,977	0,011	Да, ветвь 1
35	14566	Й_Нор		0,005	0,003	0,987	0,005	Да, ветвь 1
36	14567	Й_Нор		0,004	0,014	0,025	0,956	Да, ветвь 2
37	14568	Й_Нор		0,006	0,018	0,654	0,322	Нет, ветвь 1 х ветвь 2
38	14569	Й_Нор		0,005	0,004	0,007	0,983	Да, ветвь 2
39	14570	Й_Нор		0,006	0,006	0,024	0,965	Да, ветвь 2
40	14571	Й_Нор		0,008	0,012	0,972	0,008	Да, ветвь 1
41	14572	Й_Нор		0,022	0,034	0,912	0,032	Да, ветвь 1
42	14573	Й_Нор		0,013	0,032	0,010	0,945	Да, ветвь 2
43	14574	Й_Нор		0,013	0,027	0,950	0,01	Да, ветвь 1
44	14575	Й_Нор		0,007	0,008	0,007	0,978	Да, ветвь 2
45	14576	Й_Кан		0,032	0,592	0,202	0,174	Нет, кровь Л_Кан
46	14577	Й_Кан		0,054	0,115	0,797	0,034	Нет, кровь Л_Кан

*- гетерозиготный хряк по гену дефекта сперматозоидов – CPL – Ff

Как следует из данных таблицы 3.13, может быть подтверждена линейность следующих животных (таблица 3.14, рисунок 3.9).

Таблица 3.14 – Результаты анализа линейности животных

Порода	Число голов, n	Линейные	Не линейные	
			Число голов, n	
Ландрас Нор-свин_Литва	18	16 (88,2%)	2	№ 14548 – кровь Й, ветвь 2 №14549 - кровь Й, ветвь 1
Ландрас Канадский	2	2 (100%)	0	Генетически отличен от Л_Нор, ближе к Й_Кан
Йоркшир Нор-свин_Литва	24	22 (91,7%)	2	№ 14558 – кровь Й_Кан № 14568 – Й_Нор, ветвь 1 х ветвь 2
Йоркшир канадский	2	0 (0,0%)	2	№ 14576 – кровь Л_Кан № 14577 – кровь Л_Кан

Полученные данные несоответствия породной и линейной принадлежности следует правильно трактовать. Связь между породами (популяциями), наличие крови которых установлено у помесных или не линейных животных может быть как **прямой**, так и **опосредованной**.

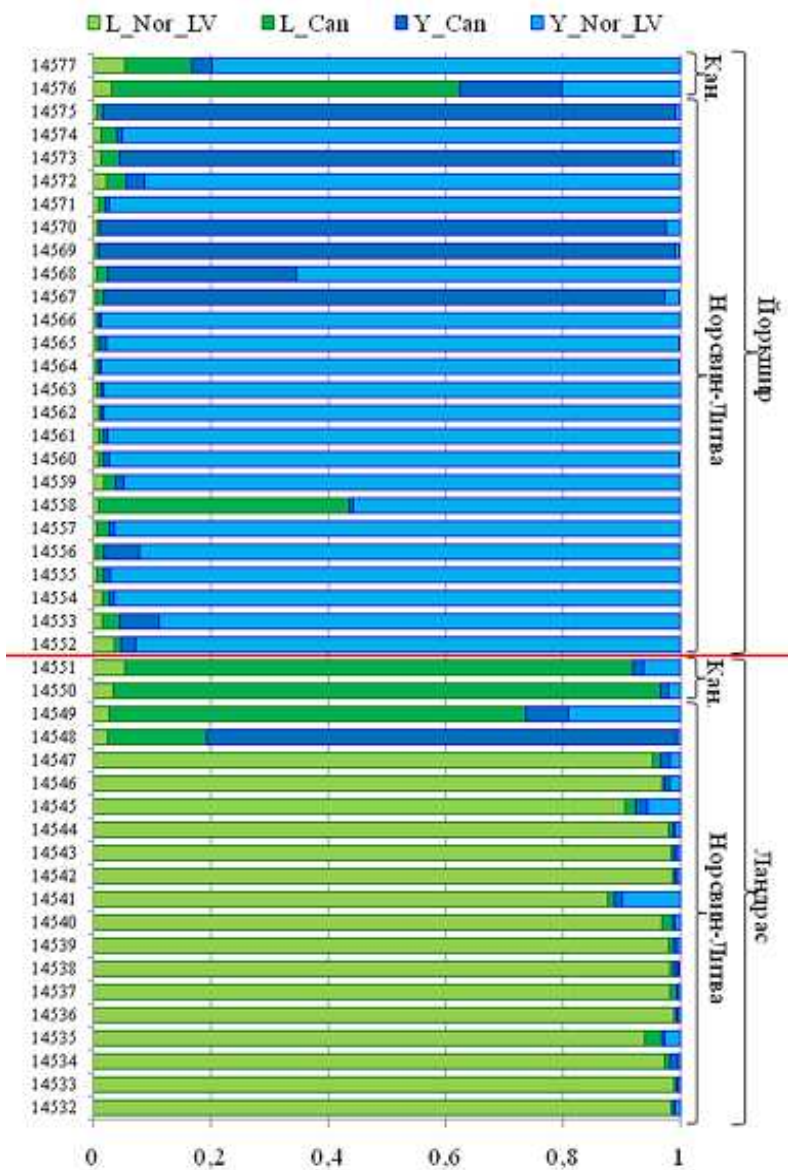


Рисунок 3.9 – Результаты анализа природной принадлежности хряков

Например, если установлено наличие крови Й у Л, то это означает, что или Й непосредственно был использован в селекции Л (прямая связь), или в селекции Й и Л были использованы общие предки (**опосредованная связь**).

Для установления генетических связей между популяциями и отдельными животными, а также определения генеалогических линий был выполнен анализ генеалогического родства между животными. Результаты представлены на рисунке 3.10.

Анализ полученных данных позволяет сделать следующие выводы:

1. Показано соответствие породной принадлежности и доказана линейность 16 из 18 хряков породы ландрас Норсвин_Литва.

2. Показана линейность 2-х хряков породы ландрас канадской селекции. При этом установлено, что ландрасы канадской селекции генетически ближе канадским йоркширам, чем ландрасам Норсвин_Литва.

3. Показано соответствие породной принадлежности всех 26-и хряков породы йоркшир, в т.ч. 24-х хряков йоркшир Норсвин_Литва и 2-ух хряков йоркшир канадской селекции.

4. Анализ линейности показал принадлежность к «чистым линиям» 22-х хряков породы йоркшир Норсвин_Литва, при этом они формировали 2 отдельных генеалогических ветви по 17 и 5 голов, при этом ветвь из 17 хряков (ветвь 1) генетически более близка канадским йоркширам, а ветвь из 5-и голов (ветвь 2) имеет среди далеких предков ландрасов (рисунок 3.10).

5. Подлежит сомнению породная принадлежность следующих хряков:

№ 14548 (Ландрас-Норсвин_Литва) – родств. с Й, ветвь 1

№ 14549 (Ландрас-Норсвин_Литва) – родств. с Й, ветвь 2

6. Подлежит сомнению линейность следующих хряков:

№ 14558 (Йоркшир Норсвин_Литва) – кровь Й_Кан

№ 14568 (Йоркшир Норсвин_Литва) – Й_Нор, ветвь 1 x ветвь 2

№ 14576 (Йоркшир канадский) – кровь Л_Кан

№ 14577 (Йоркшир канадский) – кровь Л_Кан.

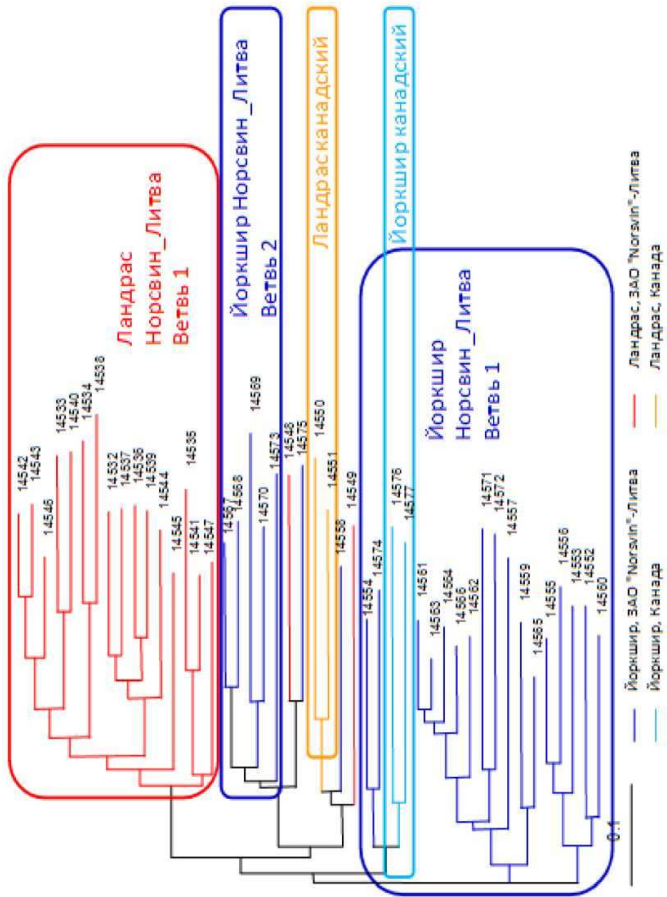


Рисунок 3.10 – Дендограмма генеалогического родства хряков, построенная по Nei [1983]

3.4.3. Генетическая экспертиза племенных хряков норвежской селекции Витебского племпредприятия

3.5.3.1. Первый этап завоза

Проводилось определение микросателлитного профиля хряков ЗАО «Norsvin Lietuva» с целью определения породной принадлежности и подтверждения чистопородности животных.

Скрининг проводили у 26-ти хряков, в т. ч. 15-ти хряков породы ландрас и 11-ти хряков породы йоркшир норвежской селекции.

Определение микросателлитного профиля свиней проводили по методикам Центра биотехнологии и молекулярной диагностики ГНУ «ВИЖ».

Результаты анализа определения породной принадлежности хряков представлены в графическом выражении на рисунке 3.11 и в таблице 3.14. При проведении анализа мы исходили из того, что анализируемые образцы относятся к двум породам. Как показано на рисунке 3.11 и в таблице 3.14, получены высокие коэффициенты членства исследуемых хряков в собственной популяции (выше 0,9). На основании полученных данных породная принадлежность и чистопородность хряков могут быть подтверждены у всех 26-ти исследованных хряков, в том числе 15-ти хряков породы ландрас и 11-ти хряков породы йоркшир.

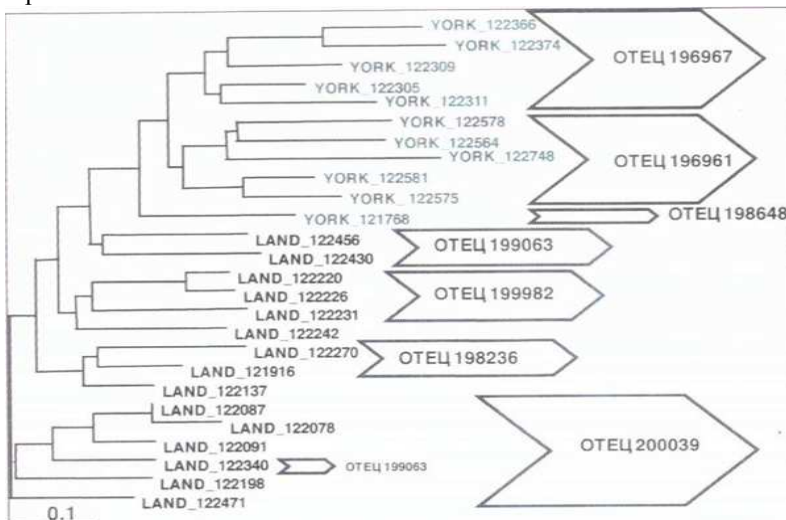


Рисунок 3.11 – Схема генеалогической или линейной принадлежности

Таблица 3.14 – Результаты анализа породной принадлежности хряков

№ п/п	№ ВИЖ	Порода	Пол	Индив. номер	Критерий Q		Чистопородность
					YORK	LAND	
1	16828	LAND	♂	122198	0,010	0,990	Да
2	16829	LAND	♂	122242	0,015	0,985	Да
3	16831	LAND	♂	122456	0,019	0,981	Да
4	16832	LAND	♂	122270	0,013	0,987	Да
5	16833	LAND	♂	122231	0,015	0,985	Да
6	16834	LAND	♂	122220	0,014	0,986	Да
7	16835	LAND	♂	122340	0,009	0,991	Да
8	16836	LAND	♂	122087	0,012	0,988	Да
9	16837	LAND	♂	122091	0,012	0,988	Да
10	16839	LAND	♂	121916	0,011	0,989	Да
11	16840	LAND	♂	122078	0,010	0,990	Да
12	16841	LAND	♂	122137	0,015	0,985	Да
13	16845	LAND	♂	122226	0,010	0,990	Да
14	16846	LAND	♂	122430	0,135	0,865	Да
15	16847	LAND	♂	122471	0,026	0,974	Да
16	16826	YORK	♂	122366	0,990	0,010	Да
17	16827	YORK	♂	122305	0,965	0,035	Да
18	16830	YORK	♂	122374	0,993	0,007	Да
19	16838	YORK	♂	122309	0,984	0,016	Да
20	16842	YORK	♂	121768	0,923	0,077	Да
21	16843	YORK	♂	122578	0,971	0,029	Да
22	16844	YORK	♂	122581	0,976	0,024	Да
23	16848	YORK	♂	122311	0,975	0,025	Да
24	16849	YORK	♂	122564	0,985	0,015	Да
25	16850	YORK	♂	122748	0,986	0,014	Да
26	16851	YORK	♂	122575	0,863	0,137	Да

Полученные результаты подтверждаются данными генеалогического сходства исследуемых хряков. Как показано на рисунке 3.12, группы хряков пород ландрас и йоркшир формируют два независимых кластера.

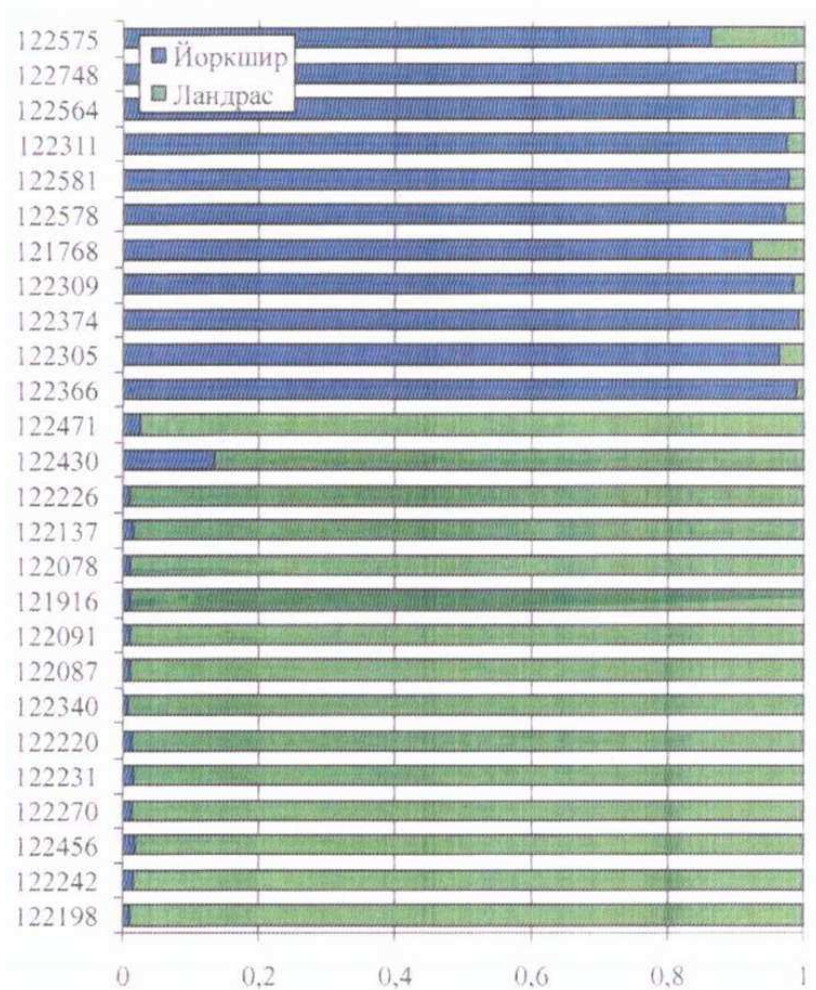


Рисунок 3.12 – Результаты анализа породной принадлежности хряков

По данным таблицы 3.14 и рисунка 3.12 следует, что породной принадлежности соответствуют все 25 исследованных хряков ЗАО «Норсвин-Литва», в том числе 15 хряков породы ландрас и 11 хряков породы йоркшир.

3.5.3.2. Второй этап завоза

Проводились работы по определению микросателлитного профиля хряков с целью подтверждения их породной принадлежности и уровня чистопородности (линейности) животных. Скрининг проводили у 40 хряков, в т. ч. 27-ти хряков породы ландрас и 13-ти хряков породы йоркшир норвежской селекции.

Результаты анализа определения породной принадлежности хряков представлены в таблице 3.15 и в графическом выражении на рисунке 3.13. При проведении анализа мы исходили из того, что анализируемые образцы относятся к двум породам. Как показано в таблице 3.15 и на рисунке 3.13, получены высокие коэффициенты членства исследуемых хряков в собственной популяции (выше 0,9). На основании полученных данных породная принадлежность хряков может быть подтверждена у всех 27-ми исследованных хряков породы ландрас и всех 13-ти исследованных хряков породы йоркшир.

Таблица 3.15 – Результаты анализа породной принадлежности хряков

№ п/п	№ ВИЖ	Порода	Пол	Индив. номер	Критерий Q		Соответствие породе
					YORK	LAND	
1	2	3	4	5	6	7	8
1	15354	LAND	хряк	118181	0,036	0,964	Да
2	15355	LAND	хряк	118350	0,014	0,986	Да
3	15356	LAND	хряк	118360	0,014	0,986	Да
4	15357	LAND	хряк	118361	0,018	0,982	Да
5	15358	LAND	хряк	118441	0,008	0,992	Да
6	15359	LAND	хряк	118500	0,035	0,965	Да
7	15360	LAND	хряк	118503	0,023	0,977	Да
8	15361	LAND	хряк	118641	0,007	0,993	Да
9	15362	LAND	хряк	118705	0,079	0,921	Да
10	15363	LAND	хряк	118742	0,109	0,891	Да
11	15364	LAND	хряк	118757	0,129	0,871	Да
12	15365	LAND	хряк	118871	0,011	0,989	Да
13	15366	LAND	хряк	118952	0,014	0,986	Да
14	15367	LAND	хряк	118955	0,032	0,968	Да
15	15368	LAND	хряк	118959	0,011	0,989	Да
16	15369	LAND	хряк	118962	0,035	0,965	Да
17	15370	LAND	хряк	118968	0,013	0,987	Да
18	15371	LAND	хряк	119022	0,013	0,987	Да
19	15372	LAND	хряк	119029	0,016	0,984	Да

Продолжение таблицы 3.15

1	2	3	4	5	6	7	8
20	15373	LAND	хряк	119060	0,01	0,990	Да
21	15374	LAND	хряк	119061	0,008	0,992	Да
22	15375	LAND	хряк	119067	0,012	0,988	Да
23	15376	LAND	хряк	119070	0,012	0,988	Да
24	15377	LAND	хряк	119123	0,015	0,985	Да
25	15378	LAND	хряк	119124	0,006	0,994	Да
26	15379	LAND	хряк	119127	0,017	0,983	Да
27	15380	LAND	хряк	119152	0,008	0,992	Да
28	15381	YORK	хряк	118209	0,951	0,049	Да
29	15382	YORK	хряк	118231	0,982	0,018	Да
30	15383	YORK	хряк	118524	0,983	0,017	Да
31	15384	YORK	хряк	118536	0,972	0,028	Да
32	15385	YORK	хряк	118544	0,989	0,011	Да
33	15386	YORK	хряк	118610	0,992	0,008	Да
34	15387	YORK	хряк	118616	0,993	0,007	Да
35	15388	YORK	хряк	118617	0,979	0,021	Да
36	15389	YORK	хряк	118628	0,974	0,026	Да
37	15390	YORK	хряк	118896	0,984	0,016	Да
38	15391	YORK	хряк	119089	0,969	0,031	Да
39	15392	YORK	хряк	119095	0,975	0,025	Да
40	15393	YORK	хряк	119099	0,936	0,064	Да

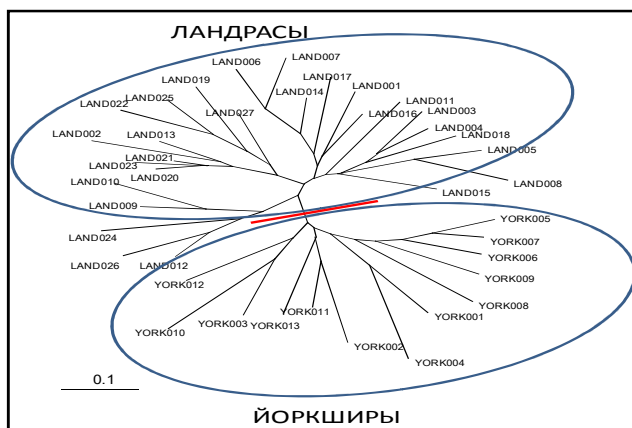


Рисунок 3.13 – Результаты анализа породной принадлежности хряков

Полученные результаты подтверждаются данными генеалогического сходства исследуемых хряков. Как показано на рисунке 3.14, группы хряков пород ландрас и йоркшир формируют два независимых кластера. Следовательно, племенные хряки репродукции дочернего предприятия компании «Норсвин - Литва» соответствуют всем заявленным критериям.

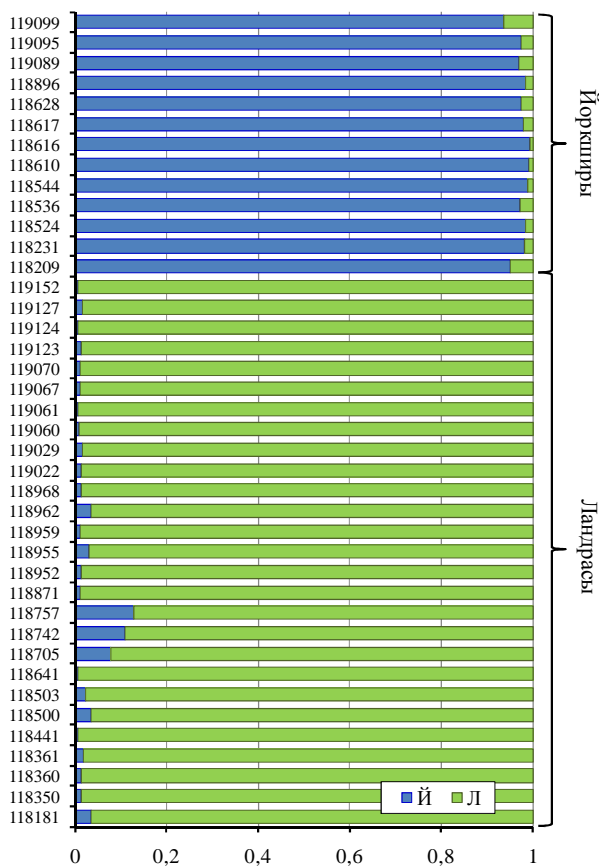


Рисунок 3.14 – Результаты анализа породной принадлежности хряков

Проблема подтверждения породности и «чистоты линий» весьма актуальна и интересует всех потребителей племенной продукции и ге-

нетического материала. Специалисты племенных и промышленных предприятий страны при покупке животных по импорту от многочисленных фирм-посредников все чаще отмечают их низкое качество, как по фенотипу, так и продуктивному ответу. Особенно много возникает проблем с резистентностью и сохранностью потомства, а также качеству получаемой от его свинины.

3.4.4. Результаты генетической экспертизы хряков немецкой селекции, закупленных на племенную ферму одного из ЧСУП

Изучался микросателлитный профиль хряков на предмет определения породной принадлежности и подтверждения чистопородности животных.

Скрининг проводили у 19 хряков, в т.ч. 6-и хряков породы йоркшир и 13-и хряков породы ландрас.

Результаты анализа по определению породной принадлежности хряков представлены в таблице 3.16 и на рисунке 3.15.

Таблица 3.16 – Результаты анализа породной принадлежности

№ п/п	№ ВИЖ	Порода	Пол	Индив. номер	Критерий Q		Соответствие породе
					Й	Л	
1	16070	L	♂	1	0,071	0,929	Да
2	16071	L	♂	2	0,527	0,473	Нет
3	16072	L	♂	3	0,207	0,793	Нет
4	16073	L	♂	4	0,077	0,923	Да
5	16074	L	♂	5	0,320	0,680	Нет
6	16076	L	♂	10	0,089	0,911	Да
7	16077	L	♂	8	0,171	0,829	Нет
8	16082	L	♂	17	0,050	0,950	Да
9	16083	L	♂	19	0,064	0,936	Да
10	16085	L	♂	23	0,141	0,859	Да
11	16086	L	♂	24	0,057	0,943	Да
12	16087	L	♂	25	0,071	0,929	Да
13	16088	L	♂	26	0,610	0,390	Нет
14	16078	Y	♂	13	0,838	0,162	Да
15	16075	Y	♂	6	0,213	0,787	Нет
16	16079	Y	♂	14	0,923	0,077	Да
17	16080	Y	♂	15	0,466	0,534	Нет
18	16081	Y	♂	16	0,900	0,100	Да
19	16084	Y	♂	22	0,886	0,114	Да

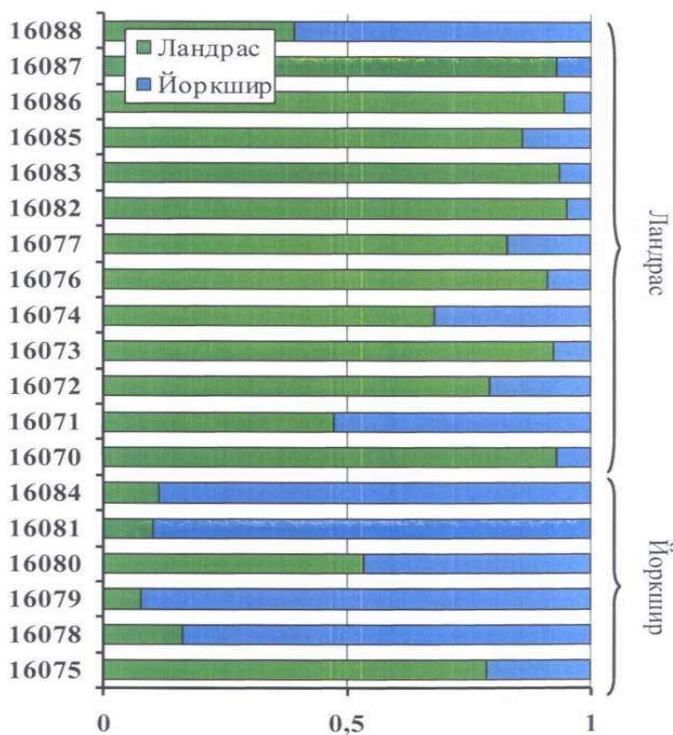


Рисунок 3.15 – Результаты анализа породной принадлежности хряков (на основании критерия –Q)

Как следует из представленных данных, чистопородность хряков **породы йоркшир** подтверждена у 4-х из 6-и исследованных животных: № 16078, 16079, 16081 и 16084.

У хряков **породы ландрас** соответствие породе было подтверждено у 8-и из 13-и исследованных животных: № 16070, 16073, 16076, 16082, 16083, 16085, 16086 и 16087.

На основании исследований породной принадлежности 19 хряков, в т.ч. 6-и хряков породы йоркшир и 13-и хряков породы ландрас подтверждена породная принадлежность 4-х хряков породы йоркшир и 8-и хряков породы ландрас. По стальным животным не подтвержден заявленный статус, что является нарушением условия контракта и затрудняет функционирование объекта в статусе племенной фермы.

Для профилактики сложившихся нарушений и обеспечения роста

продуктивности животных и повышения эффективности свиноводства предлагаются следующие мероприятия:

1. Покупку племенных животных и спермы осуществлять из племенных предприятий страны, согласно республиканской системе разведения с полной информацией о племенной ценности, данными генетической экспертизы и генных маркеров, подтверждающих устойчивость к стрессу и высокой продуктивности.

2. При оценке и закреплении (подборе) животных использовать рекомендуемые учеными и специалистами ГО «Белплемяживобъединение» схемы и рекомендации.

3. Покупку племенного молодняка по импорту осуществлять только для племенных целей, для комплектации нуклеусов и областных станций искусственного осеменения. Все животные должны иметь генетический паспорт и контролироваться сертифицированными лабораториями.

ВЫВОДЫ

В результате комплексных селекционно-генетических исследований была разработана эффективная кластерная система, включающая три основных направления (сайта) совершенствования свиней и достижения модельных профилей: конституционального, продуктивного и генетического.

На основе современных ДНК-технологий был проведен скрининг активной части популяции белорусской крупной белой породы (на протяжении 12 лет или 7 поколений) по ряду генов, детерминирующих продуктивность и предрасположенность к заболеваниям животных.

По результатам изучения ассоциативных взаимосвязей генотипов животных с селекционируемыми признаками были разработаны, апробированы и предложены в производство схемы подбора и методы геномной селекции. Их эффективность подтверждена ускорением эффекта селекции в поколениях в 3-5 раз: ростом многоплодия – с 10,5 до 12 поросят, энергии роста молодняка – с 650 до 788 г, конверсии корма – с 3,9 до 2,8 кг и выходу мяса – с 56,5 до 63,0 %.

Проведен цитогенетический мониторинг, подтверждающий хромосомную и генную стабильность опробуемых селекционных групп, линий, типов и породы. По итогам этой работы были усовершенствованы заводские стада крупной белой породы, методом МС-анализа подтверждены их породность и линейность, что позволило успешно апробировать и утвердить ряд селекционных достижений.

Разработаны методы маркер-зависимой селекции, позволяющие эффективно повышать продуктивность маток, энергию роста молодняка и качество свинины. Особо следует выделить решаемую этими методами проблему профилактики стресса, сохранности молодняка и пороков свинины. Комплексно изучен ряд генов в ассоциации их генотипов с различной продуктивностью и разработаны фактический и модельный генетический паспорт (профиль) популяций, позволяющий планировать уровень продуктивности на основе их генетической детерминации на ранних периодах онтогенеза. Это позволит минимизировать отрицательное действие паратипических факторов.

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

1. Амбросьева, Е. Д. Биохимические маркеры в свиноводстве / Е. Д. Амбросьева // Аграрная Россия. – 2002. – №5. – С.19-25.
2. Анисим, И. А. Патологоанатомическая диагностика инфекционных болезней свиней / И. А. Анисим ; под ред. М. С. Жакова. – Минск: Ураджай, 1980. – 135 с.: ил. .
3. Ануфриев, П.А. Этиология, эпизоотические особенности и диагностика факторных инфекционных болезней / П. А. Ануфриев // Ветеринарный консультант. – 2006. – №18. – С.10-17.
4. Арсиненко, Р. Ю. Исследование полиморфизма гена H-FABP во взаимосвязи с хозяйственно-полезными признаками свиней / Р. Ю. Арсиненко, Е. А. Гладырь // Современные достижения и проблемы биотехнологии сельскохозяйственных животных : материалы междунар. науч. конф. – Дубровицы, 2002. – С. 94-96.
5. Бажов, Г. М. Племенное свиноводство: учебное пособие / Г. М. Бажов. – Санкт-Петербург : Лань, 2006. – 384 с.
6. Балацкий, В. Молекулярно-генетические маркеры в оценке генотипов свиней / В. Балацкий, К. Почерняев // Свиноводство. – 1995. – № 1. – С. 24-26.
7. Балацкий, В. Н. ДНК-диагностика стресс-синдрома свиней и ассоциация RYR1-генотипов с жизнеспособностью поросят раннего возраста / В. Н. Балацкий, Е. Н. Метлицкая // Цитология и генетика. – 2001. – № 3. – С. 43-49.
8. Балацкий, В. Н. Разработка ДНК-технологий генотипирования свиней и их использование в свиноводстве / В. Н. Балацкий // Вісник аграрної науки Причорномор'я. – Миколаїв, 2002. – Спец. вип. 3(17) : Актуальні проблеми розвитку галузі свинарства. – С. 5-8.
9. Безенко, С. Использование генного уровня наследственности в племенном и промышленном свиноводстве / С. Безенко // Свиноводство. – 2004. – № 2. – С. 2-3.
10. Безенко, С. Использование полиморфизма генов групп крови в племенном и промышленном свиноводстве / С. Безенко // Свиноводство. – 2004. – № 6. – С. 8-9.
11. Беккер, М. Е. Биотехнология / М. Е. Беккер, Г. К. Лиепиньш, Е. П. Райпулис. – Москва : Агропромиздат, 1990. – 334 с.: ил.
12. Белов, А. В. Тест-система на основе ПЦР в реальном времени для выявления вируса лихорадки долины РИФТ / А. В. Белов [и др.] // Ветеринария. – 2007. - № 6. – С. 53-55.
13. 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.
14. Войтенко, С. Л. Миргородська порода свиней, шляхи створення та сучасний стан / С. Л. Войтенко, С. М. Петренко, В. Г. Цебеко. – Полтава : Оріяна, 2005. – 196 с.
15. Волкова, М. В. Методы лечения и профилактики колибактериоза свиней / М. В. Волкова, В. Н. Ласковский // Аграрная наука. – 2005. - № 12. – С. 23-25.
16. Гарай, В. В. Ежегодник по племенной работе в свиноводстве в хозяйствах Российской Федерации / В. В. Гарай. – М. : ВНИИплем, 2003. – 204 с.
17. Гарай, В. В. Ежегодник по племенной работе в свиноводстве в хозяйствах Российской Федерации / В. В. Гарай. – М. : ВНИИплем, 2010. – 213 с.
18. Гладырь, Е. А. Использование маркерных генов в свиноводстве / Е. А. Гладырь [и др.] // ДНК-технологии в клеточной инженерии и маркировании признаков сельскохозяйственных животных : материалы докладов Международной научной конференции (12 ноября 2001 г.). – Дубровицы, 2001. – С. 64-65.
19. Гладырь, Е. А. Исследование гена эстрогенового рецептора как маркера многоплодия свиней / Е. А. Гладырь, О. Костюнина, Н. А. Зиновьева // Современные достижения и проблемы биотехнологии : материалы междунар. науч. конф. – Дубровицы, 2002. –

С. 114-115.

20. Гладырь, Е. А. Молекулярно-генетические маркеры в животноводстве / Е. А. Гладырь, Н. А. Зиновьева // Биология сельскохозяйственных животных. – Санкт-Петербург, 2002. – С. 52-56.

21. Гладырь, Е. А. Микросателлитный анализ коз зааненской породы / Е. А. Гладырь // Современные достижения и проблемы биотехнологии сельскохозяйственных животных : материалы Международной научной конференции (18-19 ноября 2003 г.). – Дубровицы, 2003. – С. 95-98.

22. Гладырь, Е. А. Методические рекомендации по молекулярно-генетическому анализу овец с использованием микросателлитных маркеров / Е. А. Гладырь [и др.]. – М. : РАСХН, 2004. – 30 с.

23. Гладырь, Е. А. Влияние полиморфизма гена эстрогенового рецептора на многоплодие свиней пород крупная белая, уржумская, дюрок и ландрас / Е. А. Гладырь [и др.] // Перспективы развития свиноводства : материалы 10-ой Международной научно-производственной конференции. – Гродно, 2003. – С. 113.

24. Гладырь, Е. А. Исследование овец Колмыкии с использованием микросателлитных маркеров / Е. А. Гладырь, С. П. Трофименко, Н. А. Зиновьева // Новые методы генодиагностики и генотерапии. Современное состояние и перспективы использования в сохранении генофонда сельскохозяйственных животных. – Дубровицы : ВИЖ, 2005. – С. 47-48.

25. Глазко, В. И. Генетически детерминированный полиморфизм белков у сельскохозяйственных животных / В. И. Глазко // Доклады ВАСХНИЛ. – 1991. - № 6. – С. 31-36.

26. Голенченко, С. Г. Исследование свиней КУСП «Заря» по гену ECRF18/FUT1 – маркеру устойчивости к колибактериозу / С. Г. Голенченко [и др.] // Проблемы повышения эффективности производства животноводческой продукции : тезисы докладов Международной научно-производственной конференции (12-13 октября 2007 г.). – Жодино, 2007. – С. 31-32.

27. Гончаров, С. Б. Диагностика хламидиоза кошек методом ПЦР / С. Б. Гончаров, М. М. Широбонова // Ветеринария сельскохозяйственных животных. – 2006. – № 5. – С. 72.

28. Гудилин, И. И. Прогнозирование продуктивности свиней по биохимическим, цитохимическим и математическим тестам / И. И. Гудилин, В. А. Петухов, Т. А. Дементьева // Интерьер и продуктивность свиней / Новосибирский гос. аграрный ун-т. – Новосибирск, 2000. – С. 225.

29. Гудилин, И. И. Интерьер и продуктивность свиней / И. И. Гудилин, В. Л. Петухов, Т. А. Дементьева ; Новосибирский государственный аграрный университет. – Новосибирск, 2000. – 251 с.

30. Гуменный, М. Ф. Селекция свиней при создании материнской и отцовских форм для гибридизации : автореф. дис... д-ра с.-х. наук / М. Ф. Гуменный. – Л.-Пушкин, 1989. – 37 с.

31. Гутковский, А. А. Колибактериоз телят и поросят / А. А. Гутковский, Г. Л. Дворкин. – Минск : Ураджай, 1989. – 160 с.: ил.

32. Давыдов, А. Ф. Пути снижения подверженности свиней стрессам и повышения их продуктивности / А. Ф. Давыдов // Сб. тр. Харьковского СХИ. – Харьков, 1985. – С. 54-60.

33. Теория и методы выведения скороспелой мясной породы свиней / В. Д. Кабанов [и др.]. – М., 1998. – 261 с.

34. Дворкин, Г. Л. Колибактериоз телят и поросят / Г. Л. Дворкин, А. А. Гутковский. – Минск : БелНИИТИ, 1989. – 32 с.

35. Джапаридзе, С. Т. Цитогенетический контроль хряков-производителей при селекции на многоплодие : автореф. дис. ... канд. биол. наук / Джапаридзе С.Т. – Новоси-

бирск, 1988. – 25 с.

36. Дунин, И. М. Порода и породообразование / И. М. Дунин, С. К. Оханкин. – Пушкино : ВНИИПлем, 1999. – 273 с.

37. Евдокимов, С. М. Профилактика болезней в промышленном животноводстве / С. М. Евдокимов. – Москва: Колос, 1977. – 224 с.

38. Заявка № 20010498. Республика Беларусь, А 01 К. Способ определения и прогнозирования хозяйственно-полезных качеств свиней / Шейко И. П., Епишко Т. И., Епишко А. Н.; заявитель РУП «Институт животноводства НАН Беларуси»; пат. поверенный Васин В. Т. – Заявл. 12.07.2001; опубл. 30.03.2002, Официальный бюлл. № 4. – 6 с.

39. Епишко, Т. И. Диагностика полиморфизма гена H-FABP / Т. И. Епишко [и др.] // Актуальные проблемы интенсификации производства продукции животноводства : тезисы докладов Международной научно-производственной конференции (13-14 октября 2005 г.). – Жодино, 2005. – С. 58-59.

40. Епишко, Т. И. Интенсификация селекционных процессов в свиноводстве с использованием классических методов генетики и ДНК-технологии : автореф. дис. ... д-ра с.-х. наук : 06.02.01. / Т. И. Епишко. – Жодино, 2008. – 44 с.

41. Ермишин, А. П. Биотехнология. Биобезопасность. Биотехника / А. П. Ермишин [и др.] ; под ред. А. П. Ермишина. – Минск : Тэхналогія, 2005. – 430 с. : ил.

42. Завада, А. Н. Изучение спонтанной изменчивости кариотипа свиней в связи с ранней оценкой их собственной продуктивности : дис. ... канд. биол. наук / Завада А.Н. – Дубровицы, 1987. – 134 с.

43. Завада, А. Н. Хромосомный анализ и возможность его использования в селекционной работе / А. Н. Завада // Современные аспекты селекции, биотехнологии, информатизации в племенном животноводстве. – М., 1997. – С. 279-301.

44. Завада, А. Н. О характере возникновения хромосомных аномалий у свиней / А. Н. Завада, П. М. Кленовицкий // Повышение эффективности ведения свиноводства. – Быково, 1999. – С. 168-169.

45. Завада, А. Н. Структурные особенности хромосом свиней цивильской породы / А. Н. Завада // Молекулярно-генетические маркеры животных. – Киев, 1999. – С. 92-93.

46. Завада, А. Н. Цитогенетическая характеристика свиней цивильской породы / А. Н. Завада, А. А. Новиков // Молекулярно-генетические маркеры животных. – Киев, 1999. – С. 93-94.

47. Завадский, М. М. Проблемы акклиматизации в животноводстве / М. М. Завадский // Проблемы животноводства. – 1932. – № 5, 6. – С. 37.

48. Методические рекомендации по использованию метода полимеразной цепной реакции в животноводстве / Н. А. Зиновьева [и др.] ; ВИЖ. – Дубровицы, 1998. – 47 с.

49. Зиновьева, Н. А. Сравнительная оценка эффективности проверки стрессустойчивости свиней методом галотанового теста и полимеразно-цепной реакции / Н. А. Зиновьева, Е. А. Гладырь, Е. А. Черкаева // Селекция, кормление, содержание с.-х. животных и биотехнология производства продуктов животноводства / ВИЖ. – Дубровицы, 1999. – С. 82-85.

50. Зиновьева, Н. А. Перспективы использования молекулярной генной диагностики сельскохозяйственных животных / Н. А. Зиновьева, Е. А. Гладырь // ДНК-технологии в клеточной инженерии и маркирование признаков сельскохозяйственных животных : материалы междунар. конф. – Дубровицы, 2001. – С. 44-49.

51. Зиновьева, Н. А. Животноводство в XXI век / Н. А. Зиновьева, Е. А. Гладырь, Д. А. Фромин // Сб. науч. тр. / ВИЖ. – Дубровицы, 2001. – С. 218-224.

52. Зиновьева, Н. А. Молекулярная генная диагностика в свиноводстве / Н. А. Зиновьева, Е. А. Гладырь // Современные достижения и проблемы биотехнологии сельскохозяйственных животных : материалы Международной конференции. – Дубровицы, 2002. – С. 44-45.

53. Зиновьева, Н. А. Введение в молекулярную генную диагностику сельскохозяйственных животных / Н. А. Зиновьева [и др.]. – Дубровицы : ВИЖ, 2002. – 260 с.
54. Зиновьева, Н. А. Исследование полиморфизма гена эстрогенового рецептора как маркера плодовитости свиней / Н. А. Зиновьева [и др.] // Сб. науч. тр. / ВИЖ. – Дубровицы, 2004. – Т. 2. Свиноводство. – С. 50-57.
55. Зиновьева, Н. А. Проблемы биотехнологии и селекции сельскохозяйственных животных / Н. А. Зиновьева, Л. К. Эрнст. – Изд. 2-е, доп. – М., 2005. – 329 с.
56. Иванов, М. Ф. Сельскохозяйственная акклиматизация животных / М. Ф. Иванов // Избранные сочинения. – М. : Гос. издательство с.-х. литературы, 1957. – Т. 1. – С. 124-128.
57. Иванов, М. Ф. Акклиматизация и вырождение животных. Т. 1 / М. Ф. Иванов. – М. : Колос, 1963. – 445 с.
58. Кабанов, В. Д. Теория и методы выведения скороспелой мясной породы свиней / В. Д. Кабанов [и др.]. – М., 1998. – 261 с.
59. Калашникова, Л. А. Современное состояние и проблемы использования методов анализа ДНК – в генетической экспертизе племенных животных / Л. А. Калашникова // Аграрная Россия. – 2002. – № 5. – С. 7-11.
60. Калашникова, Л. А. Проблемы использования методов анализа ДНК в генетической экспертизе племенных животных / Л. А. Калашникова // Материалы Международной конференции. – Дубровицы, 2002. – С. 46-51.
61. Калашникова, Л. А. ДНК-диагностика сельскохозяйственных животных / Л. А. Калашникова, Н. И. Рыжова, Е. П. Голубина // Генетика и селекция в XXI веке. – Мн., 2002. – С. 210-212.
62. Калашникова, Л. А. Возможности использования ДНК-маркеров продуктивных качеств животных в практической селекционной работе / Л. А. Калашникова // Современные достижения и проблемы биотехнологии сельскохозяйственных животных. – Дубровицы, 2003. – С. 33-39.
63. ПЦР при диагностике лептоспироза / М. С. Калмыкова [и др.] // Ветеринария сельскохозяйственных животных. – 2007. – № 6. – С. 33-34.
64. Исследование полиморфизма генов RYR1, ESR, ECRF18/FUT1 и MUC4 у свиней различных пород / Н. А. Камыш [и др.] // Пути интенсификации отрасли свиноводства в странах СНГ: сб. тр. XVI Международной научно-практической конференции / УО «ГТАУ» ; редкол.: И. П. Шейко [и др.]. – Гродно, 2009. – С. 61-65.
65. Кашпиров, Д. Н. Экология домашних животных на примере каракульской овцы / Д. Н. Кашпиров // Природа. – 1937. – № 9. – С. 47-49.
66. Кленовицкий, П. М. Цитогенетика сельскохозяйственных животных / П. М. Кленовицкий, Л. Г. Мойсейкина, Н. С. Марзанов. – М. : Элиста, 1999. – 141 с.
67. Кленовицкий, П. М. Полиморфизм и функциональная зависимость ядрышковых организаторов : учеб.-мет. пособие / П. М. Кленовицкий, И. В. Гусев. – Дубровицы, 2001. – 30 с.
68. Кленовицкий, П. М. Генные карты сельскохозяйственных животных : монография / П. М. Кленовицкий [и др.]. – Дубровицы, 2003. – 91 с.
69. Князев, С. П. Ассоциация генетических маркеров в двух родственных породах свиней / С. П. Князев, С. В. Никитин, И. Г. Горелов // Генетика. – 1999. – Т. 35, № 5. – С. 674-680.
70. Князев, С. П. Проблемы дискордантности и косегрегации экспрессии галотанчувствительных свиней с мутацией 1843 С-Г в локусе RYR1 рецептора рианодина / С. П. Князев, К. Е. Жучаев, В. В. Гарт // Генетика. – 1999. – Т. 35, № 5. – С. 674-680.
71. Ковальчук, М. А. Генетическая структура различных пород и популяций свиней по гену H-FABP / М. А. Ковальчук // Зоотехническая наука Беларуси : сб. науч. тр. – Гродно, 2006. – Т. 41. – С. 48-54.

72. Ковальчук, М. А. Популяционные и породные различия у хряков-производителей по локусу гена H-FABP / М. А. Ковальчук // Пути интенсификации отрасли свиноводства в странах СНГ : тезисы докладов XIII Международной научно-практической конференции по свиноводству (14-15 сентября 2006 г.). – Жодино, 2006. – С. 61-63.
73. Ковальчук, М. А. Гены-маркеры в селекции свиней для повышения откормочной и мясной продуктивности : дис. ... канд. с.-х. наук : 06.02.01 / Ковальчук М. А. – Жодино, 2009. – 130 с.
74. Коновалова, Е. Н. Характеристика симментальского скота различного происхождения с использованием ДНК-микросателлитов / Е. Н. Коновалова, В. И. Сельцов, Н. А. Зиновьева // Зоотехния. – 2006. – № 8. – С. 6-9.
75. Коновалова, Е. Н. Исследование гена рецептора E.coliF18 во взаимосвязи с хозяйственно-полезными признаками / Е. Н. Коновалова, Е. А. Гладырь, Н. А. Зиновьева // Современные достижения и проблемы биотехнологии сельскохозяйственных животных : материалы междунар. науч. конф. – Дубровицы, 2003. – С. 112-117.
76. Коновалова, Е. Н. Полиморфизм гена рецептора E. coliF18 (ECRF18/FUT1) и его влияние на хозяйственно-полезные признаки свиней : автореф. дис. ... канд. биол. наук : 03.00.23 / Коновалова Е. Н. – Дубровицы, 2003. – 17 с.
77. Корінний, С. М. Визначення походження поросят за допомогою мікросателітного ДНК-типуювання/ С. М. Корінний, К. Ф. Почерняев, В. М. Балацкий // Аграрний вісник Причорномор'я : сб. наук. прац. – Одеса, 2005. – Вып. 31. – С. 97-98.
78. Костюнина, О. В. Ген IGF-2 – потенциальный ДНК-маркер мясной и откормочной продуктивности свиней / О. В. Костюнина, А. Н. Левитченков, Н. А. Зиновьева // Животноводство России. – 2008. – № 1. – С. 12-14.
79. Костюк, С. А. Полимеразная цепная реакция в режиме реального времени (Real-TimePCR) – современный метод молекулярной биологии / С. А. Костюк, Л. А. Баранова, В. П. Емельянова // Вести Национальной академии наук Беларуси. – 2006. – № 4. – С. 103-112.
80. Болезни сельскохозяйственных животных / П. А. Красочко [и др.] ; науч. ред. П. А. Красочко. – Минск : Бизнесофсет, 2005. – 800 с.
81. Кузнецов, В. Г. Галотан-устойчивость пород свиней Западной Сибири : автореф. дис. ... канд. с.-х. наук : 06.02.04 / В. Г. Кузнецов. – Новосибирск, 2005. – 19 с.
82. Кузнецов, А. И. Способ оценки свиней по стрессчувствительности / А. И. Кузнецов, Ф. А. Сингатулин // Интенсификация селекционного процесса в животноводстве. – Персиановка, 1986. – С. 76-78.
83. Генетический полиморфизм трансферрина различных популяций свиней и его связь с откормочной и мясной продуктивностью / О. П. Курак [и др.] // Зоотехническая наука Беларуси : сб. науч. тр. – Гродно, 2004. – Т. 39. – С. 70-76.
84. Генетическое типирование штаммов M. bovis. / А. Л. Лазовская [и др.] // Ветеринария сельскохозяйственных животных. – 2007. – № 1. – С. 30-32.
85. Лазарева, Ф. Ф. Генетические маркеры голштинского скота на Урале / Ф. Ф. Лазарева, Л. Г. Сухова // Зоотехния. – 1991. – № 5. – С. 16-19.
86. Левитчинков, А. Н. Генетический статус свиней по гену рецептора E. Coli F18 (ECRF18 / FUT1) у свиней ЗАО ПЗ «Заволжское» Тверской области / А. Н. Левитчинков, Н. А. Зиновьева, К. М. Шавырина // Современные достижения и проблемы биотехнологии сельскохозяйственных животных : материалы 6-ой Международной научной конференции (19-20 декабря 2006 г.). – Дубровицы, 2006. – С. 123-125.
87. Максимович, В. В. Рекомендации по специфической профилактике наиболее распространенных инфекционных болезней крупного рогатого скота в Республике Беларусь / В. В. Максимович [и др.]. – Витебск : УО ВГАВМ, 2007. – 56 с.
88. Марзханов, Н. Генетические маркеры в селекции свиней / Н. Марзханов [и др.] //

Свиноводство. – 2005. – № 2. – С. 2-4.

89. Марзанов, Н. С. RYR1-ген у свиней отечественных и зарубежных пород / Н. С. Марзанов, Д. Н. Фролкин, Н. А. Зиновьева // Доклады Российской Академии сельскохозяйственных наук. – 2001. - № 1. – С. 34-36.

90. Марзанов, Н. С. Иммунология и иммуногенетика овец и коз / Н. С. Марзанов. – Кишинев, 1991. – 237 с.

91. Мойсейкина, Л. Г. Генетические основы современной селекции / Л. Г. Мойсейкина, П. М. Кленовицкий. – М.: Элиста, 2001. – 66 с.

92. Мукминов, М. Н. Индикация возбудителей аспергиллеза пчел методом ПЦР / М. Н. Мукминов, Л. И. Зайнуллин // Вестник Российской академии сельскохозяйственных наук. – 2004. - № 5. – С. 61-63.

93. Нагаевич, В. М. Разведение свиней : навчальний посібник / В. М. Нагаевич [та інш.]. – Харків : Еспада, 2005. – 289 с.

94. Никитченко, И. Н. Продуктивность свиней исходных генотипов при создании новой мясной породы / И. Н. Никитченко, В. В. Горин, Л. З. Гильман // Создание новых пород с.-х. животных : сб. науч. тр. – М., 1987. – С. 148-153.

95. Никитченко, И. Н. Адаптация, стрессы и продуктивность сельскохозяйственных животных / И. Н. Никитченко, С. И. Плященко, А. С. Зеньков. – Мн., 1988. – 200 с.

96. Никитченко, И. Н. Справочник по свиноводству / И. П. Никитченко, З. Д. Гильман. – Мн.: Ураджай, 1984. – 286 с.

97. Никитченко, И. Н. Использование галотанового теста в селекции свиней / И. Н. Никитченко, В. В. Горин, В. Н. Якушик // Зоотехническая наука Белоруссии : сб. науч. тр. / БелНИИЖ. – Мн., 1986. – Т. 27. – С. 13-16.

98. Никитченко, И. Н. Применение галотанового теста при селекции в свиноводстве / И. Н. Никитченко, В. В. Горин, В. Н. Якушик // Весці АН БССР. Сер.с.-г. навук. – 1984. - № 3. – С. 85-87.

99. Никитишин, П. К. Диспепсия поросят / П. К. Никитишин. – Минск : Ураджай, 1975. – 64 с.

100. Онищенко, М. М. Использование ISSR-PCR маркеров для исследования внутривидового полиморфизма животных UKB-1 / М. М. Онищенко, В. Н. Балацкий // Пути интенсификации отрасли свиноводства в странах СНГ : тезисы докладов XIII Международной научно-практической конференции по свиноводству (14-15 сентября 2006 г.). – Жодино, 2006. – С. 93-95.

101. Орел, И. В. Характерные зависимости полиаллельных групп крови с продуктивными качествами свиней / И. В. Орел // Актуальные проблемы интенсификации производства продукции животноводства : тезисы докладов международной научно-производственной конференции. – Жодино, 2005. – С. 67-68.

102. Падутов, В. Е. Молекулярно-генетические методы идентификации организмов / В. Е. Падутов // Проблемы лесоведения и лесоводства : сб. науч. тр. / Институт леса НАН Беларуси. – Гомель, 2005. – Вып. 64. – С. 189-196.

103. Павличенко, В. П. Анализ иммуногенетических маркеров у различных пород свиней / В. П. Павличенко, З. П. Любимова // Материалы XVI Междунар. конф. по группам крови и биохимическому полиморфизму животных. – Л., 1979. – Вып. 3. – С. 91-96.

104. Патапчук, Д. В. Колибактериоз поросят и меры его профилактики / Д. В. Патапчук, К. Н. Крыжевич // Ветеринарная медицина Беларуси. – 2005. – № 1. – С. 4-6.

105. Петрушко, И. С. Использование групп крови при селекции откормочных и мясных качеств свиней / И. С. Петрушко // Ветеринарная генетика, селекция и экология : тез. докл. науч. конф. / Новосибирский гос. аграрный ун-т. – Новосибирск, 2003. – С. 275.

106. Петухов, В. Л. Генетические основы селекции животных / В. Л. Петухов [и др.]. – М.: Агропромиздат, 1989. – 448 с.

107. Плященко, С. И. Естественная резистентность организма свиней специализированных типов при различных способах содержания / С. И. Плященко, В. Т. Сидоров, В. А. Безмен // Зоотехническая наука Беларуси. – Мн., 1985. – Т. 26. – С. 41-48.
108. Плященко, С. И. Стрессы у сельскохозяйственных животных / С. И. Плященко, В. Т. Сидоров. – М. : ВО «Агропромиздат», 1987. –286 с.
109. Потокина, Е. К. Современные методы геномного анализа в исследованиях генетики количественных признаков у растений / Е. К. Потокина, Ю. В. Чесноков // Сельскохозяйственная биология. – 2005. – № 3. – С. 3-18.
110. Пону, У. Дж. Биология свиньи / У. Дж. Пону, К. А. Хоупт ; пер. с англ. и предисл. В. В. Попова. – М. : Колос, 1983. – 334 с.
111. Притулин, П. И. Диагностика болезней свиней на комплексах / П. И. Притулин. – Москва : Россельхозиздат, 1977. – 120 с.
112. Проскурина, Н. В. Анализ генетической структуры стада свиней породы ландрас, дюрок и йоркшир канадской селекции на основе анализа ДНК-микросателлитов / Н. В. Проскурина [и др.] // Современные достижения и проблемы биотехнологии сельскохозяйственных животных. – М., 2006. – С. 155-158.
113. Проскурина, Н. В. Сравнительное исследование роли групп крови и ДНК-микросателлитов в генетической оценке свиней породы йоркшир, ландрас и дюрок : автореф. дис. ... канд. биол. наук / Проскурина Н.В. – Дубровицы, 2008. – 21 с.
114. Проскурина, Н. В. Сравнительный анализ информативности эритроцитарных антигенов и ДНК-микросателлитов в селекционно-племенной работе со свиньями канадской селекции / Н. В. Проскурина [и др.] // С.- х. биология. – 2007. - № 6. – С. 41-47.
115. Проскурина, Н. В. Фенотипический эффект различной гетерогенности родительских пар, оцененной с использованием ДНК-микросателлитов / Н. В. Проскурина, Т. И. Тихомирова, Н. А. Зиновьева // Высокие технологии, фундаментальные и прикладные исследования, образование. – Санкт-Петербург, 2007. – Т. 10. – С. 223-225.
116. Рождественская, Т. Н. Колибактериоз птиц / Т. Н. Рождественская // Российский ветеринарный журнал. – 2008. – № 1. – С. 42-43.
117. Руденко, А. Ф. Профилактика желудочно-кишечных заболеваний у новорожденных поросят / А. Ф. Руденко, С. С. Клименко, П. А. Руденко // Проблеми зооінженерії та ветеринарної медицини:збірник наукових праць Харківської державної академії. – Х. : РВВ ХДЗВА, 2007. – Выпуск 15 (40), ч. 2, т. 2. – С. 56-59.
118. Рудишин, О. Выявление генов-маркеров продуктивных качеств у свиней крупной белой породы / О. Рудишин [и др.] // Свиноводство. – 2006. – № 2. – С. 4-5.
119. Рыжова, Н. В. ДНК-диагностика стрессчувствительности свиней скороспелой мясной породы / Н. В. Рыжова, Л. А. Калашникова // Вестник РАСХН. – 2000. - № 1. – С. 68-71.
120. Рыжова, Н. В. Генотипирование свиней различных пород по локусу RYR1-гена / Н. В. Рыжова, Л. А. Калашникова // Проблемы биологии в животноводстве : тез. докл. 3-й междунар. конф. – Боровск, 2000. – С. 422-423.
121. Рыжова, Н. В. Исследование продуктивных качеств гетерозиготных свиней-носителей мутантного аллеля гена RYR / Н. В. Рыжова, Л. А. Калашникова // Материалы всероссийского совещания по координации селекционно-племенной работы в породах сельскохозяйственных животных. – Лесные поляны, 2001. – С. 163-172.
122. Рыжова, Н. В. Частота встречаемости мутантного аллеля RYR1-гена в популяциях свиней крупной белой породы / Н. В. Рыжова, Л. А. Калашникова, А. А. Новиков // Доклады РАСХН. – 2001. - № 6. – С. 31-35.
123. Рыжова, Н. В. Полиморфизм гена RYR1 в популяциях свиней мясных пород : автореф. дис. ... канд. биол. наук / Рыжова Н.В. – Лесные Поляны, 2001. – 23 с.
124. Рыжова, Н. В. Предрасположенность к стрессу свиней отечественных пород по данным ДНК-диагностики / Н. В. Рыжова, Л. А. Калашникова // Современные достиже-

ния и проблемы биотехнологии сельскохозяйственных животных. – Дубровицы, 2002. – С. 155-156.

125. Рыжова, Н. В. Продуктивные качества гетерозиготных свиней-носителей гена мутантного аллеля / Н.В. Рыжова, Л.А. Калашникова // Вестник РАСХН. – 2002. – С. 64-67.

126. Рыжова, Н.В. Полиморфизм гена эстрогенового рецептора (ESR) и гена пролактинового рецептора (PRLR) у свиней крупной белой породы / Н.В. Рыжова, Л.А. Калашникова // Ветеринарная генетика, селекция и экология: материалы 2-й Междунар. науч. конф. (12-14 нояб. 2003 г.). – Новосибирск, 2003. – С. 275.

127. Рыжова, Н. В. Полиморфизм генов эстрогенового и пролактинового рецепторов в популяции свиней крупной белой породы / Н. В. Рыжова, Л. А. Калашникова, Е. А. Черкаева // Зоотехническая наука Беларуси: сб. науч. тр. – Гродно, 2004. – Т.39. – С.110-115.

128. Смарагдов, М. Г. Методы молекулярных маркеров в селекции хозяйственно ценных признаков у крупного рогатого скота / М. Г. Смарагдов // Сельскохозяйственная биология. – 2005. – №6. – С.3-7.

129. Смирнов, А. Ф. Картирование и маркирование геномов животных / А. Ф. Смирнов, Н. С. Никитин // Вестник РАСХН. – 2002. – № 1. – С. 53-56.

130. Использование ISSR-маркеров для молекулярно-генетической идентификации и паспортизации сортов малины / В. В. Соболев [и др.] // Сельскохозяйственная биология. – 2006. – №5. – С.48-52.

131. Соколов, Н.В. Влияние полиморфизма гена рецептора эстрогена на воспроизводительные качества свиней породы крупная белая / Н.В. Соколов[и др.]// Современные достижения и проблемы биотехнологии. – Дубровицы, 2002. – С. 168-169.

132. Влияние мутации в гене рецептора риаодина скелетных мышц на биологические и продуктивные качества свиней / Н. Соколов [и др.] // Свиноводство. – 2003. – №3. – С.5-6.

133. Соловых, А. Г. Перспективы маркерной селекции в свиноводстве / А. Г. Соловых // Пути интенсификации отрасли свиноводства в странах СНГ: сб. тр. XVI Международной научно-практической конференции. – Гродно, 2009. – С. 92-93

134. Степанов, В. Регрессионный анализ прогнозирования хозяйственно полезных качеств свиней / В. Степанов, В. Федоров, А. Тариченко // Свиноводство. – 2001. – №6. – С.7-8.

135. Степанова, Н. Ю. Популяційний аналіз RYR1-гена порід свиней різного напрямку продуктивності / Н. Ю. Степанова, В. М. Балацький // Науч. тр. Полтавской гос. акад. – Полтава, 2002. – Т. 1(20). – С. 141-142.

136. Стрельченко, П. П. Молекулярно-генетический подход к анализу дифференциации и географического распространения культурного ячменя / П. П. Стрельченко, О. Н. Ковалева, К. Окуно // Сельскохозяйственная биология. – 2002. – №3. – С.41-56.

137. Тарасов, И.И. Стрессовый синдром у свиней / И.И. Тарасов // Сельское хозяйство за рубежом. – 1982. - №1. – С. 47-49.

138. Продуктивные качества поросят заводского типа «КБ-КН» различных по группам крови генотипов в ранний период / Л. В. Тимофеев [и др.] // Перспективы развития свиноводства в XXI веке. – Быково, 2001. – С. 115-118.

139. Филатов, А. И. Селекция свиней на повышение мясности / А. И. Филатов, В. А. Медведев. – Москва: Колос, 1975. – 176 с.: ил.

140. Качественные характеристики туш и мяса трех галотановых генотипов / П. Фишер [и др.] // Генетические аспекты современного мясного производства : реф. обзор. – М., 2001. – С. 19-21.

141. Фролкин, Д. А. Скрининг гена злокачественной гипертермического синдрома (MHS) - гена у свиней : автореф. дис. ... канд. с.-х. наук : 03.00.23 / Фролкин Д.А. – Дуб-

ровицы, 2000. – 19 с.

142. Хавкин, Э. Е. Молекулярная селекция растений: ДНК-технологии создания новых сортов / Э. Е. Хавкин // *Сельскохозяйственная биология*. – 2005. – №2. – С.21-46.

143. Хейн, В. Д. С. Генетика – кому она нужна? / В. Д. С. Хейн // *Свиноводство*. – 1998. – №3. – С.28-29.

144. Хлесткина, Е. К. Генотипирование отечественных сортов мягкой пшеницы с использованием микросателлитных (SSR) маркеров / Е. К. Хлесткина, Е. А. Салина, В. К. Шумный // *Сельскохозяйственная биология*. – 2004. – №5. – С.44-51.

145. Цилуйко, Г. А. Иммуногенетический контроль при работе с первичными линиями и родственными группами мясного скота / Г. А. Цилуйко, Л. М. Романов // *Сельскохозяйственная биология*. – 1988. – №5. – С.76-82.

146. Цион, Р. А. Дифференциальная диагностика болезней свиней / Р. А. Цион. – Санкт-Петербург: «Колос», 1970. – 60 с.

147. Черехаева, Е. А. Тестирование свиней на стрессустойчивость / Е. А. Черехаева // *Повышение эффективности ведения свиноводства*. – Быково, 1999. – С. 182-183.

148. Черехаева, Е. А. Выявление стрессчувствительности свиней методом галатанового теста и полимеразно-цепной реакции / Е. А. Черехаева, С. А. Грикшас, Н. А. Зиновьева // *Селекционно-генетические методы повышения продуктивности сельскохозяйственных животных*. – СПб, 2000. – С. 49-50.

149. *Сельскохозяйственная биотехнология: учебник* / В. С. Шевелуха [и др.]; под ред. В. С. Шевелухи. – 2-е изд., перераб. и доп. – Москва: Высшая школа, 2003. – 469 с.

150. Шейко, И. П. Использование ДНК-технологий в селекции сельскохозяйственных животных / И. П. Шейко [и др.] // *Актуальные проблемы интенсивного развития животноводства: сб. науч. тр.* – Горки, 2005. – Вып.8, ч.2. – С.219-222.

151. Шейко, И. П. Ассоциация гена эстрогенового рецептора с репродуктивными признаками свиноматок белорусской и крупной белой пород / И. П. Шейко [и др.] // *Зоотехническая наука Беларуси: сб. науч. тр.* – Гродно, 2006. – Т.41. – С.103-109.

152. Шейко, И. П. Задачи селекционно-племенной работы по повышению генетического потенциала сельскохозяйственных животных / И. П. Шейко, Н. А. Попков // *Белорусское сельское хозяйство*. – 2008. - №1. – С.38-44.

153. Шейко, И. П. Влияние гена H-FABP на физико-химические свойства свинины / И. П. Шейко [и др.] // *Пути интенсификации отрасли свиноводства в странах СНГ: сб. тр. XVI Международной научно-практической конференции*. – Гродно, 2009. – С. 112-115.

154. Эрнст, Л. К. Изучение влияния прилития крови голштинского скота на изменение генофонда крупного рогатого скота отечественных пород с использованием ДНК-микросателлитов / Л. К. Эрнст // *Зоотехния*. – 2007. - №12. – С.2-5.

155. Эрнст, Л. К. Использование ДНК-маркеров в свиноводстве Казахстана / Л. К. Эрнст // *Вестник Российской академии сельскохозяйственных наук*. – 2007. - №4. – С.65-67.

156. Эрнст, Л.К. Биологические проблемы животноводства в XX веке / Л.К. Эрнст, Н.А. Зиновьева. – М.: РАСХН, 2008. – 508 с.

157. *Справочник врача ветеринарной медицины* / под ред. А. И. Ятусевича. – Минск: Техноперспектива, 2007. – 971 с.

158. Allen, W.M. Experimentally induced acute Stress Syndrome in Pietrain / W.M. Allen // *Pigs. Vet. Rec.* – 1970. – Vol. 87. – P. 64-69.

159. A mediumdensity genetic linkage map of the bovine genome/ W. Barendse[et. al.] // *Mamm. Genome*.– 1997. – Vol. 8. –P. 21-28.

160. Beckman, J. S. Restriction fragment length polymorphism in genetic improvement: Methodologies mapping and costs / J. S. Beckman, M. Soller // *Theory and Apply Genet.* – 1983. – Vol.67. – P.35-43.

161. Genetic relationships of five Indian horse breeds using microsatellite markers / R. Behl [et al.] // *Animal*. – 2007. – Vol. 1, N 4. – P. 483-488.
162. Bidanel, J. P. An overview over twenty years of selection for litter size in pigs using «Hyperprolific» schemes / J. P. Bidanel, J. Gruand, C. Legault // *Proc. 5th World Congr. Genet. Appl. Livestoc Prod.* – 1994. – Vol.17. – P. 512-515.
163. A genetic linkage map for cattle/V. D. Bishop [et al.] // *Cenetics*. – 1994. – Vol. 136. – P. 619-639.
164. Bouchard, T. J. Genes, environment and personality / T. J. Bouchard // *Science*. – 1994. – Vol. 264. – P. 1700-1701.
165. Brenig, B. Molecular cloning and analysis of the porcine «halothane» gene // B. Brenig, G. Brem // *Arch. Tierz.* – 1992. – Vol. 35, №1/2. – S. 129-135.
166. Brenig, B. Genomic organization and analysis of the 5' end of the porcine ryanodine receptor gene (ryr1) / B. Brenig, G. Brem // *FEBS Letters*. – 1992. – Vol. 298. – P. 277-279.
167. Broom, D.M. Stress and animal welfare / D. M. Broom, R. G. Jonson // *Champan and Hall*. – London, 1993. – P. 112-113.
168. Carden, A.E. The effects of halothane susceptibility on some economically important traits in pigs.1. Litter productivity / A. E. Carden, W. G. Hill // *Anim. Product*. – 1985. – Vol.40, N 2. – P. 351-358;
169. Relationship of growth hormone and insulin-like growth factor-1 genotype with growth and carcass traits in swine / E. Casas-Carillo [et al.] // *Anim. Genet*. – 1997a. – Vol. 28. – P. 88-93.
170. Chean, K. S. Phospholipase A₂ activity, calmodulin, Ca²⁺, and meat quality in young and adult halothane sensitive and halothane-insensitive British Landrace pigs / K. S. Chean, A. M. Chean // *Meat Science*. – 1986. – Vol. 17. – P. 37-53.
171. Prediction of meat quality in live pigs using stress-susceptible and stress-resistant and animals / K. S. Chean [et al.] // *Meat Science*. – 1993. – Vol. 34. – P. 179-189.
172. Chen, M. Different allele frequencies of MC4R gene variants in Chinese pig Breeds / M. Chen, A. Wang, J. Fu // *Arch. Tierz.* – 2004. – Vol. 47, №5. – P.463-468.
173. Cholz, A. Muscle metabolism and body composition of pigs with different ryanodine receptor genotypes studied by mtans of ³¹p nuclear magnetic resonance spectroscopy and H magnetic imaging / A. Cholz [et al.] // *Arch. Tierz.* – 1995. – Vol. 38, № 5. – S. 539-552.
174. Stress: basic mechanisms and clinical implications / G. P. Chrausos [et al.] // *Eds. Ann. of The New York Acad. Sci.* – 1995. – Vol. 771. – P. 775.
175. Patent number wo2004048606. Porcine polymorphisms and methods for detecting them / S. Cirera [et al.]. – 2004. – 6 p
176. Clarce, H. Planned breeding for the home and European market / H. Clarce // *Pig Farming Management*. – 1972. – Vol.2, N 11. – P. 33-34.
177. Diehl, S. R. Genetics / S.R. Diehl [et al.] // *Amer. J. Hum. Genet.* – 1990. – Vol. 47. – P. 177.
178. Dvorak, J. Mala genetika prasat / J. Dvorak, I. Vrtkova. – Brno, 2001. – 180 p.
179. Standardization of Pulsed-Field Gel Electrophoresis Protocols for the Subtyping of Escherichia coli O157:H7, Salmonella, and Shigella for PulseNet / M. Efrain [et al.] // *Foodborne Pathogenes and Disease*. – 2006. – Vol. 3, N 1. – P. 59-67.
180. Effects of the Rendement Napole Gene: Muscle Quality and Breed Differences for High and Low Glycolytic Potential Groups in Swine / R. S. Emmett [et al.] // *Research and Reviews. The Ohio State University Department of Animal Sciences*. – 1999. – S. 45-49.
181. Fairbrother, J. M. Escherichia coli in postweaning diarrhea in pigs: an update on bacterial types pathogenesis and prevention strategies / J. M. Fairbrother, É. Nadeau, C. L. Gyles // *Animal Health Research Reviews*. – 2005. – Vol. 6, N 1. – P. 17-39.
182. Ferretti, L. Cosmid-derived markers anchoring the bovine genetic map to the physical map/L. Ferreti [et al.] // *Mamm. Genome*. – 1997. – Vol. 8. – P. 29-36.

183. Fill, M. Rolle of the ryanodine receptor of skeletal muscle in excitation-contraction coupling / M. Fill [et. al.] // *Annals of the New York Academy of Science*. – 1990. – Vol. 560. – P. 155-162.
184. Fisher, P. Halothane genotype and quality. Carcass and meat quality characteristics of three halothane genotypes / P. Fisher, F. Mellet, L. Hoffman // *Meat Sci*. – 2000. – Vol. 54. – P. 97-105.
185. Franch, M. Incidence of preslaughter stress on meat quality of non sensible pigs / M. Franch, A. Jossel, M. Poirrel // *Rev. med. Vet. (France)*. – 2003. – Vol. 154, № 3. – P. 199-200.
186. Fujii, J. Identification of a mutation in porcine ryanodine receptor associated with malignant hyperthermia / J. Fujii [et al.] // *Science*. – 1991. - № 253. – P. 448-451.
187. Gaastra, W. Host specific fimbrial adhesins et noninvasive enterotoxigenic *E. coli* strains / W. Gaastra, F. Graaf // *Microbiol. Rev*. – 1982. – Vol. 46, N 2. – P. 129-161.
188. Associations of heart and adipocyte fatty acid-binding protein gene expression with intramuscular fat content in pigs / F. Gerbens [et al.] // *J. Anim sci. Savoy, IL: American Society of Animal Science*. – 2001. – Vol. 79, N 2. – P. 347-354.
189. Georgas, M. Velogenetics, or the synergistic use of marker assisted selection and germ-line manipulation/ M. Geortgs, J. M. Massey// *Theriogenjloge*. – 1991. – Vol. 35. –P. 151-159.
190. Characterization, chromosomal localization and genetic variation of the porcine heart fatty acid-binding protein / F. Gerbens [et al.] // *Mamm. Genome*. – 1997. – Vol. 8. – P. 328-331.
191. Heart fatty acid binding protein gene variants are associated with intra – muskular fat content and backfat thickness in pigs / F. Gerbens [et. al.] // *World Cong. Genet. Appl. Livest. Prod.* – 1998. – Vol. 26. – P. 187
192. Assignment of the porcine calcium release channel gene, a candidate for the malignant hyperthermia locus to the 6p11-q21 segment of chromosome 6 / I. Harbitz [et al.] // *Genomics*. – 1990. – N 8. – P. 243-248.
193. DNA sequence of the skeletal muscle calcium release channel cDNA and verification of the Arg615-Cys615 mutation, associated with the porcine malignant hyperthermia, in Norwegian Landrace pigs / I. Harbitz [et al.] // *Anim. Genetics*. – 1992. – Vol. 23. – P. 395-402.
194. Hardge, T. / T. Hardge, A. Scholz // *Faculty of Agriculture and Horticulture, Institute of Basic Animal Science*. – Berlin, 2001. – P. 320-325.
195. Hirai [etal.] // *J. Mol. Endocrinol*. – 1990. – Vol. 5. –P.147-158.
196. PCR protocols: A guide to methods and applications / M. F. Innis [et al.] // *Academic Press, San Diego*. – 1990. – P. 3-12.
197. Jeffreys, A. J. Individual -specific «fingerprints» of human DNA/ A. J. Jeffreys, S. L. Thein// *Nature*. – 1985. – Vol. 316. – P. 76-79.
198. Jensen, E. L. [et al.] // *Can. J. Animal Sci*. – 1968. – Vol.47. – P.856-862.
199. Jensen, P. Stress as a stste of motivatiobal systems / P. Jensen, F. M. Toates // *Appl. Behav. Sci*. – 1997. – Vol. 53. – S. 145-156.
200. Jeon, J. T. A paternally expressed QTL affecting skeletal and cardiac muscle mass in pigs maps to the IGF2 locus / J. T. Jeon [et al.] // *Nat Genet*. – 1999. – Vol. 21. –P. 157-158.
201. Pigs with the dominant white coat color phenotype carry a duplicate of the KIT gene encoding the mast / stem cell growth receptor / M. Johansson-Moller [et al.] // *Mammal. Genome*. – 1996. – Vol. 7. – P. 822-830.
202. Linkage and comparative mapping of the locus controlling susceptibility towards *E. coli* F4 ab/ac diarrhoea in pigs / C. B. Jorgensen [et al.] // *Cytogenet Genome Res*. – 2003. - №102. – P.157-162.
203. Kanda, H. Some properties of abnormal porcine (PFE, PFD) differed from PSE and DFD / H. Kanda, T. Kanckhika // 38th ICoMST, Clermont-Ferrand. – 1992. – S. 919-922.
204. Kauffman, R. G. The effectiveness of examining early post-mortem musculature to

- predict ultimate pork quality / R. G. Kauffman, W. Sybesma, F. J. Smulders // *Meat Sci.* – 1993. – Vol. 34. – P. 283-300.
205. Kauffman, R. G. Variations in pork quality: history, definition, extent, resolution / R. G. Kauffman // *Swine Health and Production.* – 1993. – Vol. 1(2). – P. 28-34
206. Kmiec, V. Relations between the polymorphism in the ryanodine receptor gene (RYR1) and certain reproductive traits of sows in a herd of Polish Landrace pigs / V. Kmiec, J. Drowak // *Anim. Sci. Papers Rep.* – Warsaw, 2000. – Vol. 18, №4. – P. 277-283.
207. Associations between GH gene variations with performance traits in F2 generations of European Wild Boar, Pietrain and Meishan Pigs / C. Knorr [et al.] // *Anim. Genet.* – 1997. – Vol. 28. – P. 124-128.
208. The Polish «Pig Genome Mapping» project. IV. Segregation of chromosomal markers in generation F2 / J. Komisarek [et al.] // *Animal Science Papers and Reports.* – 1998. – Vol. 16, №2. – P. 1-2.
209. Komisarek, J. The Polish «Pig Genome Mapping» project. XI. Ag-NOR markers of chromosome 10 and tentative localization of quantitative traits loci for tender loin weight and carcass length / J. Komisarek, M. Szydłowski, M. Switonski // *Animal Science Papers and Report.* – 1999. – Vol. 17, №4. – P. 173-180.
210. Oddziaiywanie genu HALⁿ na jakosc surowca rzeznego swic linii PBZ-23 / M. Koswin-Podsidia [et al.] // *Materiaiy Konferencyi Perspektywy hodowli zwierzat w Polsce.* – Wroslaw, 1995. – S. 231-234.
211. Koswin-Podsiadla, M. The comparison between RYR1^c RYR^c and RYR1^cRYR1^r pigs for meat quality and glycolytic potential measured before and after slaughter / M. Koswin-Podsidia, W. Przybylski // *Ann. Anim. Sci.* – 2001. – Vol. 1, № 2. – P. 31-36.
212. Growth carcass composition and meat qyality in pigs with different capacity for lipid deposition / G. Kuyn [et al.] // *Archiv fur Tierzucht.* – 1997. – Bd. 40. – S. 245-355.
213. Kraeling R. R., Gerrits R. J., Young E. R. // *Can. J. Animal Sci.* – 1973. – Vol. 32. – P. 174-178.
214. Křenkova, N. Usefulness of pH and EC₅₀ values, glycogen, glucose and lactic acid content in biopsy samples taken from pigs of different RYR1-genotypes for meat quality prediction / N. Křenkova, T. Urban, J. Kiciel // *Czech. J. Anim. Sci.* – 2001. – Vol. 46, N 1. – P. 41-46.
215. Wartosc rzezna i jakocs miesa tucznykow heterozygotycznych HALⁿ HALⁿ linii PBZ-23 i mieszacyw F₁ (PRZ- 23 x pietrain) / E. Krzeczio [et al.] // *Prace i Materialy Zootechniczne Zeszyt Specjalnu.* – 1998. – Z. 8. – S. 45-50.
216. Lahucky, R. Kvalita masa osdipanych s vyskytom a bez vyskytu mutacie v gene pre ryanodinovy receptor (RYR1) / R. Lahucky, P. Krska // *J. of Farm animal science.* – Nitra, 2001. – № 34. – P. 223-228.
217. Larzul, C. Effect of halothane genotype (NN, Nn, nn) on growth, carcass and meat quality traits of pigs slaughtered at 95 kg or 125 kg live weight / C. Larzul, P. Le Roy, R. Gueblez // *J. Anim. Breed. Gen.* – 1997. – Vol. 114. – P. 309-320.
218. Laturus, C. Application of Campylobacter molecular classification and typing techniques in veterinary medicine: old-established methods and new perspectives / C. Laturus, L. H. Wieler // *Tierarztliche Wochenschrift.* – 2007. - №8. – S. 267-278.
219. Leach, L. M. The Growth performance, carcass characteristic and quality of halothane carrier and negative pigs / L. M. Leach, M. Ellis, D. Sutton // *J. Anim. Sci.* – Vol. 74. – P. 934-943.
220. Lenstra, J. A. Short interspersed nuclear element (SINE) sequences of the ovidae / J. A. Lenstra [et al.] // *Animal Genetics.* – 1993. – Vol. 24. – P. 33-39.
221. Louis, C.F. Malignant hyperthermia and porcine stress syndrome: a tale of two species / C.F. Louis // *Pig News and Informations.* – 1990. – Vol. 11. – P. 341-344.
222. Lorgensen, P. Associations with porcine halothane sensitivity and meat quality / P.

- Lorgensen // Muscle function and porcine meat quality. – 1979. – P. 386-395.
223. Manteuffel, G. Animal well-being in husbandry and coping with stress: Introductory remarks / G. Manteuffel, B. Puppe // Arch. Tierz. – 2000. – Vol. 43. – S. 140-143.
224. Mariani, P. Multiple restriction fragment length polymorphism in the porcine release channel gene (CRC): assignment to the halothane (Hal) linkage group / P. Mariani [et al.] // Anim. Gen. – 1992. – Vol. 23. – P. 257-262.
225. Meller, Z. Jakosc miesa w zalezności ad stopnia umiesniemia I otluszenia tuczniaków / Z. Meller // Zootechnika. – 1978. – Bd. 14. – S. 3-48.
226. Two alpha (1,2) fucosyltransferase genes on porcine chromosome 6q11 are closely linked to the blood group inhibitor (s) and Escherichia coli F18 receptor (ECR F18R) loci / E. Meijerink [et al.] // Mamm. Genome. – 1997. – Vol. 8(10). – P. 736-741.
227. Meller, Z. Jakosc miesa w zalezności ad stopnia umiesniemia I otluszenia tuczniaków / Z. Meller // Zootechnika. – 1978. – Bd. 14. – S. 3-48.
228. Mapping and investigation of candidate genes for litter size in French Large White pigs / L. Messer [et al.] // Anim. Genet. – 1996 a. – Vol. 27. – P. 175-177.
229. Messer, L. Mapping and investigation of candidate genes for litter size in French Large White pigs / L. Messer, L. Wang, M. F. Rotshild // Anim. Genet. – 1996 b. – Vol. 27. – P. 114.
230. Mickelson, J. R. Abnormal sarcoplasmic reticulum ryanodine receptor in malignant hyperthermia / J. R. Mickelson [et al.] // J. of Biol. Chem. – 1988. – Vol. 263. – P. 9310-9315.
231. A mutation in PRKAG3 associated with excess glycogen content in pig skeletal muscle / D. Milan [et al.] // Science. – 2000. – Vol. 288. – P. 1248-1251.
232. Minkema, D. Inheritance of MHS – susceptibility in pigs / D. Minkema, G. Eikelenboom, P. Van Eldik // Proceedings of Third International Conference on Production Disease in Farm Animals (13-16 sept. 1996). – Wageningen, 1996. – P. 144-150.
233. Mucha, A. Pryba oceny frekwencji genu HALⁿ w krajowym pogoiwiu ńwic pietreain / A. Mucha, T. Blicharski, R. Eckert // Prace i Materiały Zootechniczne Zeszyt Specjalny. – 1998. – № 8. – S. 320-324.
234. Moberg, G. Suffering from stress: An approach for evaluating the welfare of an animal / G. Moberg // Acta Agric. Scand., Sect. A. Anim. Sci., Suppl. – 1996. – Vol. 27. – S. 46-49.
235. Variable number of tandem repeat (VNTR) markers for human gene mapping / Y. M. Nakamura [et al.] // Science. – 1987. – P. 1616-1622.
236. Neal, S. M. Index selection for components of litter size in swine: Response of five generations of selections / S. M. Neal, R. K. Jonsnon, R. J. Kittok // J. Anim. Sci. – 2001. – Vol. 67. – P. 1931.
237. Comparison of three models to estimate breeding values for percentage of loin intramuscular fat in Duroc swine / D. W. Newcom [et al.] // Journal of Animal Science. – 2005. – Vol. 83, N 4. – P. 750-756.
238. Nezer, C. An imprinted QTL with major effect on muscle mass and fat deposition maps to the IGF2 locus in pigs / C. Nezer [et al.] // Nat. Genet. – 1999. – Vol. 21. – P. 155-156.
239. Nicholas, F. W. Genetics and anesthesia / F. W. Nicholas // Introduction to Veterinary Genetics. – N. Y. : Oxford Univ. Press, 1996. – P. 176-179.
240. Nielsen, V. H. Association of DNA polymorphism in the growth hormone gene with basal plasma growth hormone concentration and production traits in pigs / V. H. Nielsen, N. J. Larsen, N. Agergaard // J. Anim. Breed. Genet. – 1995. – Vol. 112. – P. 205-212.
241. O'Brien, P. J. Etiopathogenic defect of malignant hyperthermia: Hipersensitive calcium-release channel of skeletal muscle sarcoplasmic reticulum / P. J. O'Brien // Vet. Res. Commun. – 1987. – Vol. 11. – P. 527-559.
242. O'Brien, P. J. Microassay for malignant hyperthermia susceptibility: Hipersensitive ligand-gating of the Ca channel in muscle sarcoplasmic reticulum causes increased amounts and

- rates of Ca-release / P. J. O'Brien // *Molec. and Cell. Biochem.* – 1990. – Vol. 93. – P. 53-59.
243. Cosegregation of porcine malignant hyperthermia and a probable cause mutation in the skeletal muscle ryanodine receptor gene in backcross families / K. Otsu [et al.] // *Genomics.* – 1991. – Vol. 11. – P. 744-750.
244. Retinement of diagnostic assays for a probable causal mutation for porcine and human malignant hipertermia / K. Otsu [et al.] // *Genomics.* – 1992. - №13. – S. 832-837.
245. Fine mapping of porcine chromosome 6 QTL and LEPR effects on body composition in multiple generations of an Iberian by Landrace intercross / C. Ovilo [et al.] // *Genetical Research.* – 2005. – Vol. 85, N 1. – P. 57-67.
246. The g. 243 A>G mutation in intron 17 of MUC4 is significantly associated with susceptibility/resistance to ETEC F4 ab/ac infection in pigs / Q. L. Peng [et al.] // *Animal Genetics.* – 2007. - №38(4). – P.397-400.
247. Pospiech, E. Prawidłowa klasyfikacja jakości mięsa wieprzowego-odróżnianie mięsa «kwaśnego» od wodnistego typu PSE / E. Pospiech, A. Jyczyński, M. Urbaniak // *Trz. Chlew.* – 1998. – Bd. 36, N 6. – S. 68-72.
248. Pospiech, E. Wpływ knurów rasy pietrain I Hampshire oraz knurów linii 990 na jakość potomstwa / E. Pospiech [et al.] // *Rocz. Nauk.Zoot.* – 2000. – № 5. – P. 109-113.
249. Python, P. Genetic host determinants associated with the adhesion of E. coli with fimbriae F4 in swine A : Dissertation / P. Python. – Zurich, 2003. – 99 p.
250. Rejduch, B. Characteristic of selected genes controlling meat quality in pigs / B. Rejduch, M. Rozycki, A. Kozubska-Sobocinska // *Journal of Animal and Feed Sciences.* – 2005. – Vol. 14, N 1. – P. 41-51.
251. Rohrer, G.A. A microsatellite linkage map of the porcine genome / G.A. Rohrer, L.G. Alexander // *Genetics.* – 1994. – Vol. 136. – P. 231-245.
252. Rothschild, M.F. [et al.] // *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* – 1996. – Vol. 93. – P. 201-205
253. Rothschild, M. F. Genetics of the pig / M. F. Rothschild, B. N. Ruvinsky // *International.* – Wallengford, 1998. – P. 611.
254. Seiller, P. Aspects genetiques des qualities technologiques et organoleptiques de la viande chez le porc / P. Seiller // *Journées Recherche Porcine en France.* – 1988. - №20. – S. 227-242.
255. Sheyko, I. P. Dependence of Polyallelic Blood Groups on Productive Traits of Pigs / I. P. Sheyko, T. I. Yepischko // *Molecular mechanisms of genetic processes and biotechnology international.* – Moscow, 2001. – S. 369.
256. Msp I polymorphisms in the 3rd intron of the swine POU1F1 gene and their associations with growth performance / C. Song [et al.] // *J.apple Genetic.* – 2005. – Vol. 46(3). – P.285-289.
257. Effect of genetic variability of the porcine pituitary-specific transcription factor (Pit-1) on carcass traits in pigs / K. Stancekova [et al.] // *Anim. Genet.* – 1999. – Vol. 30. – P. 313-315.
258. Genetic variation in the porcine myogenin gene locus / A. Soumilion [et al.] // *Mamm. Genome.* – 1997. – Vol. 8. – P. 564-568.
259. Takesima H. Primary structure and expression from complementary DNA of skeletal muscle ryanodine receptor / H. Takeshima [et al.] // *Nature.* – 1989. – Vol. 339. – P. 439-445.
260. Takesima, H. Isolations and characterization of a gene for ryanodine receptor, calcium release channel in *Drosophila melanogaster* / H. Takeshima [et al.] // *Mammalian Genome.* – 1994. – Vol. 7. – P. 42-46.
261. Tautz, D. Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers / D. Tautz // *Nucleic. Acids.Res.* – 1989. – Vol. 17. – P. 6463-6471.
262. Topel, D.G. Stress-susceptibility particular emphasis on carcass quality and health / D.G. Topel, J.W. Hallberg // *Stress susceptibility and meat quality in pigs: Proceeding of commission on animal management and health and commission in pigs production joint ses-*

sion (Halkidiki, sept. 5. - oct. 1985). – Haldiki, 1985. – P. 49-59.

263. Van Den, H. Isometric contraction of skeletal muscles of MH susceptible and resistant Belgian Landrac pigs / H. Van Den // *Acta Agric. Scand.* – 1979. – Suppl. 21. – P. 322-499.

264. The Asp29Asn missense mutation in the porcine melanocortin-4 receptor (MC4R) gene can be used to affect growth and carcass traits without an effect on meat quality / K. Van den Maagdenberg [et al.] // *Animal Bioscience.* – 2007. – Vol.1, N 8. – P. 1089-1098.

265. Van-Laack, R. L. J. M. The influence of ultimate pH and intramuscular fat content on pork tenderness and tenderization / R. L. J. M. Van-Laack, S. G. Stevens, K. J. Stalder // *J. Anim. sci. Savoy, IL: American Society of Animal Science.* Feb 2001. – Vol. 79, N 2. – P. 392-397.

266. Walters, J.K. Genetic and phenotypic parameters in performance – tested pigs / J.K. Walters, M.K. Curran, P.A. Kentich // *J. Animal Production,* 1977. – Vol. 25, N 2. – P. 225-232.

267. Weber, J.L. Abundant class of human DNA polymorphisms with can be typed using the polymerase chain reaction / J.L. Weber // *Am. J. Human Genet.* – 1989. – Vol. 44. – P.388-396.

268. Webb, A.J. The halothane test in genetic improvement programmes: experiments with Pietrain Hampshire pigs / A.J. Webb, C. Jordan // *Muscle function and porcine meat quality.* – 1979. – P. 418-426.

269. Webb, A.J. The halothane test in genetic improvement programmes: experiments with Pietrain Hampshire pigs / A.J. Webb, C. Jordan // *Muscle function and porcine meat quality.* – 1979. – P. 418-426.

270. Wood, J. D. Control and manipulation of quality / J. D. Wood, J. Wiseman, D. J. A. Cole // *Principles of pig science.* – Nottingham : University Press, 1994. – P. 433-456.

271. Pit-1 genotypes are associated with birth weight in three unrelated pig resource families / T.-P. Yu [et al.] // *J. Anim. Sci.* – 1996. – Vol. 74 (suppl. 1). – P. 122.

272. Linkage and QTL mapping for Sus scrofa chromosome 6 / G. Yue [et al.] // *Journal of Animal Breeding and Genetics.* – 2003. – Vol. 120, N 1. – P. 45-55.

273. Zawada, M. Podwycieczona wrażliwość swin na czynniki stresowe jako efekt mutacji punktowej w gene RYR-podłobie molekularne i efekt biologiczny / M. Zawada // *Przegląd hodowlany.* – 2001. – № 7. – P. 11-13

274. Functional and conformational characterization of new mutants of heart fatty acid-binding protein / A. W. Zimmerman [et al.] // *Biochem J.* – 1999. – Vol. 344, N 2. – P. 495-501.

275. The Polish «Pig Genome Mapping» project. I. Characterization of the genetic structure of resource breeds and F1 generation on the basis of genetic markers / M. Zurrkowski [et al.] // *Animal Science Papers and Reports.* – 1995. – Vol. 13, №3. – P. 105-114

Список публикаций автора

1-А. Адаменко, В.А. Современная селекция и генетики – основа эффективной технологии производства свинины / В.А. Адаменко, Н.А. Лобан, Р.И. Шейко // *Практик : научно-практический журнал.* – 2005. - №11-12. – С. 38-46.

2-А. Василюк, О.Я. Влияние полиморфизма гена рецептора E.Coli на проявление колибактериоза и признаки продуктивности свиней /О. Я. Василюк, Н. А. Лобан // *Ветеринарная медицина Беларуси.* – 2004. – № 2. – С. 6-8.

3-А. Внедрение в селекции свиней ДНК-диагностики устойчивости к колибактериозу / О. Я. Василюк [и др.] // *Свиноводство.* – 2006. – № 2. – С. 6-8. – Авт. также: Лобан Н.А., Коновалова Е., Костюнина О., Зиновьева Н.

4-А. Оценка возможности использования маркерных генов в селекции свиней / Е.А.

Гладырь [и др.] // Современные достижения и проблемы биотехнологии сельскохозяйственных животных. – Дубровицы, 2002. – С. 111-114. – Авт. также: Зиновьева Н.А., Лобан Н.А., Шмаков Ю.И.

5-А. Ген-рецептор MUC4 как маркер предрасположенности свиней к колибактериозу в первые недели жизни / В. А. Дойлидов [и др.] // Молодежь, наука и аграрное образование: материалы науч.-практ. конф. – Витебск, 2008. – С. 40-42. – Авт. также: Каспирович Д.А., Лобан Н.А., Костюнина О.В.

6-А. Дойлидов, В. А. Влияние характера полиморфизма гена эритропоэтинового рецептора (EPOR) на многоплодие свиноматок белорусской мясной породы / В. А. Дойлидов, Н. А. Лобан, Д. А. Каспирович // Экология и инновации : материалы VII междунар. науч.-практ. конф. (Витебск, 22-23 мая 2008 г.). – Витебск, 2008. – С. 78-79.

7-А. Дойлидов, В. А. Ген-рецептор MUC4 как маркер предрасположенности свиней к колибактериозу в первые недели жизни / В. А. Дойлидов, Д. А. Каспирович, Н. А. Лобан // Проблемы интенсификации производства продуктов животноводства : тез. докл. междунар. науч.-практ. конф. (9-10 окт. 2008 г.). – Жодино, 2008. – С. 40-42.

8-А. Влияние генотипа хряков по генам EPOR, MUC4 и IGF-2 на продуктивность потомства / В. А. Дойлидов [и др.] // Ученые записки УО «ВГАВМ». – 2009. – Т. 45, вып. 1, ч. 2. – С. 78-82. – Авт. также: Лобан Н.А., Каспирович Д.А., Быкова М.И., Михайлова Т.И.

9-А. Дойлидов, В. А. Эффективность использования генов-маркеров EPOR, MUC4 и IGF-2 при повышении продуктивных качеств свиней пород белорусской селекции / В. А. Дойлидов, Н. А. Лобан, Д. А. Каспирович // Ученые записки УО «ВГАВМ». – 2009. – Т. 45, вып. 2, ч. 2. – С. 47-51.

10-А. Дойлидов, В. А. Ген эритропоэтинового рецептора (EPOR) – новый ген-маркер многоплодия свиноматок / В. А. Дойлидов, Н. А. Лобан, Д. А. Каспирович // Ученые записки УО «ВГАВМ». – 2009. – Т. 45, вып. 1, ч. 2. – С. 82-85.

11-А. Дойлидов, В. А. Влияние генотипов хряков по генам EPOR, MUC4 и IGF-2 на продуктивность потомства / В. А. Дойлидов, Д. А. Каспирович, Н. А. Лобан // Практик. – 2009. – № 3. – С. 56-57.

12-А. Исследование полиморфизма гена эстрогенового рецептора как маркера плодовитости свиней / Н. А. Зиновьева [и др.] // Свиноводство: материалы междунар. науч. конф. – Дубровицы, 2000. – Т. 2. – С. 34-37. – Авт. также: Гладырь Е.А., Ларионова П.В., Калачанова О.В., Лобан Н.А.

13-А. Каспирович, Д. А. Влияние полиморфизма гена ECRF4 (MUC 4) на воспроизводительные способности хряков и репродуктивные качества свиноматок крупной белой породы / Д. А. Каспирович, Н. А. Лобан, В. А. Дойлидов // Ученые записки УО «ВГАВМ». – 2008. – Т. 44, вып. 1. – С. 200-203.

14- А. Каспирович, Д. А. Влияние полиморфизма гена esrf4 на репродуктивные качества свиноматок крупной белой породы / Д. А. Каспирович, В. А. Дойлидов, Н. А. Лобан // Молодежь, наука и аграрное образование : материалы науч.-практ. конф. – Витебск, 2008. – С. 146-148.

15-А. Влияние генотипа хряков белорусской крупной белой и белорусской мясной пород по гену MUC4 на сохранность и продуктивность потомства / Д. А. Каспирович [и др.] // Ученые записки УО «ВГАВМ». – 2009. – Т. 45, вып. 1, ч. 2. – С. 95-99. – Авт. также: Дойлидов В.А., Лобан Н.А., Быкова М.И., Михайлова Т.И.

16-А. Рекомендации по использованию гена-маркера MUC4 в селекции свиней / Д. А. Каспирович [и др.] ; УО «Витебская ордена Знак почета государственная академия ветеринарной медицины». – Витебск, 2010. – 15 с. – Авт. также: Дойлидов В.А., Михайлов И.А., Лобан Н.А., Михайлова Т.И.

17-А. Рекомендации по использованию гена-маркера EPOR в селекции свиней / Д. А. Каспирович [и др.] ; УО «Витебская ордена Знак почета государственная академия ве-

теринарной медицины». – Витебск, 2010. – 13 с. – Авт. также: Дойлидов В.А., Михайлов И.А., Лобан Н.А., Михайлова Т.И.

18-А. Каспирович, Д.А. Использование маркер-зависимой селекции в профилактике заболевания свиней колибактериозом / Д. А. Каспирович В. Д. Дойлидов, Н. А. Лобан // Практик. – 2009. - №3. – С. 48-52.

19-А. Рекомендации по использованию гена-маркера IGF-2 в селекции свиней / Д. А. Каспирович [и др.]; УО «Витебская ордена Знак почета государственная академия ветеринарной медицины». – Витебск, 2010. – 18 с. – Авт. также: Дойлидов В.А., Михайлов И.А., Лобан Н.А., Михайлова Т.И.

20-А. IGF2 – потенциальный генетический маркер мясной продуктивности свиней / О. В. Костюнина [и др.] // Сб. науч. тр. СНИИРЖ. – СПб-Пушкин, 2007. – С. 338-340. – Авт. также: Зиновьева Н.А., Лобан Н.А., Василюк О.Я.

21-А. Костюнина, О. В. Ген POU1F1 как потенциальный маркер привесов у свиней / О. В. Костюнина, Н. А. Зиновьева, А. Н. Левитченков, Н. А. Лобан, О. Я. Василюк // Свиноводство. – 2008. - №1. – С.5-7;

22-А. Полиморфизм гена IGF-2 у свиней мясных пород в Республике Беларусь и его влияние на откормочные и мясные качества / О. В. Костюнина [и др.] // Сельскохозяйственная биология. – 2009. – № 2 (март-апрель). – С. 27-30. – Авт. также: Лобан Н.А., Василюк О.Я., Банникова А.Д., Чернов А.С.

23-А. Изучение связи полиморфизма гена рецептора E.ColiF18 / FUT 1 с локусами количественных признаков свиней / Е. Н. Коновалова [и др.] // Свиноводство : материалы междунар. науч.-практ. конф. – Дубровицы, 2004. – Т.2. – С.81-86. – Авт. также: Коновалова Е.Н., Гладырь Е.А., Лобан Н.А., Соловых А.Г., Шмаков Ю.И., Зиновьева Н.А.

24-А. Лобан, Н. А. Взаимосвязь мясных качеств и стрессустойчивости свиней специализированных линий / Н.А. Лобан. – Мн., 1992. – 4с. – (Информ. сообщ. / №011; БелВНИИТЭИагропром).

25-А. Лобан, Н.А. Мясная продуктивность, резистентность и стрессустойчивость межлинейных гибридов свиней / Н.А. Лобан // Научные основы развития животноводства в Республике Беларусь. – Мн., 1993. – Вып. 24. – С. 144-157.

26-А. Лобан, Н.А. Оценка стрессустойчивости и плодовитости свиней методами молекулярной генной диагностики / Н.А. Лобан, О.Я. Василюк, Н.А. Зиновьева // Интенсификация производства продуктов животноводства. – Жодино, 2002. – С. 18.

27-А. Оценка стрессустойчивости свиней различными методами / Н. А. Лобан [и др.] // Актуальні проблеми розвитку галузі свинарства. – Миколаїв, 2002. – Спец. випуск 3 (17). – С. 146-150. – Авт. также: Василюк О.Я., Зиновьева Н.А., Гладырь Е.А.

28-А. Лобан, Н. А. Использование методов ДНК- технологий в селекции свиней / О. Я. Василюк, Е. А. Гладырь, Н. А. Зиновьева // Современные достижения и проблемы биотехнологии сельскохозяйственных животных : материалы междунар. науч. конф. – Дубровицы, 2002. – С. 148-150.

29- А. Лобан, Н.А. Селекционно-генетические методы повышения резистентности свиней / Н.А. Лобан, О.Я. Василюк // Ветеринарная медицина Беларуси. – 2003. - №3. – С. 34-35.

30-А. Лобан, Н. А. Использование маркерных генов в селекции свиней / Н. А. Лобан, О. Я. Василюк, Р. И. Шейко // Сельское хозяйство – проблемы и перспективы: сб. науч. тр. – Гродно, 2003. – Т. 1, ч. 2. – С. 129-131.

31-А. Полиморфизм гена рецептора E. coli F 18 свиней / Н. А. Лобан [и др.] // Доклады РАСХН. – 2003. – № 6. – С. 25-27. – Авт. также: Коновалова Е.Н., Гладырь Е.А., Шмаков Ю.И., Зиновьева Н.А.

32-А. Лобан, Н. А. Влияние генотипа хряков крупной белой породы по эстрогеновому гену-рецептору на продуктивность свиноматок / Н. А. Лобан, О. Я. Василюк, Д. С. Драбинович // Зоотехническая наука Беларуси: сб. науч. тр. – Минск: Технопринт, 2003.

– Т. 38. – С. 73-76.

33-А. Лобан, Н. А. Влияние типа полиморфизма гена H-FABP на некоторые продуктивные качества свиней / Н. А. Лобан, О. Я. Василюк, А. С. Чернов // Свиноводство. – 2004. – № 5. – С. 8-9.

34-А. Лобан, Н. А. Влияние полиморфизма гена экстрогенового рецептора ESR на плодovitость свиней крупной белой породы / Н. А. Лобан, О. Я. Василюк // Вестник Белорусской государственной сельскохозяйственной академии. – 2004. – № 3. – С. 68-71.

35-А. Влияние типа полиморфизма гена H-FABP на откормочные и мясные качества свиней крупной белой породы свиней / Н. А. Лобан [и др.] // Свиноводство: сб. науч. тр. / ВИЖ. – Дубровицы, 2004. – Вып. 62, ч. 2. – С. 104-110. – Авт. также: Василюк О.Я., Гладырь Е.А., Зиновьева Н.А.

36-А. Лобан, Н. А. Сравнительная оценка стабильности кариотипа свиней с учетом радиационного фактора / Н. А. Лобан // Агроэкология: сб. науч. тр. – Горки, 2004. – Вып. 1. – С. 108-110.

37-А. Лобан, Н.А. Совершенствование мясо-откормочных качеств свиней молекулярно-генетическими методами / Н. А. Лобан, Н. В. Подскребкин // Ученые записки: сб. науч. тр. по материалам Международной научно-практической конференции «Актуальные проблемы ветеринарной медицины и зоотехнии», посвященной 80-летию основания УО «ВГАВМ»(4-5 ноября 2004 года). – Витебск, 2004. – Т.40, ч.2. – С. 119-120

38-А. Влияние полиморфизма гена экстрогенового рецептора ESR на воспроизводительные качества свиней крупной белой породы Беларуси / Н. А. Лобан [и др.] // Современные достижения и проблемы биотехнологии сельскохозяйственных животных: материалы Междунар. науч. конф. – Дубровицы, 2004. – С. 68-72. – Авт. также: Василюк О.Я., Гладырь Е.А., Зиновьева Н.А.

39-А. Лобан, Н. А. Применение методов молекулярной генной диагностики в свиноводстве Беларуси / Н. А. Лобан, О. Я. Василюк, Р. И. Шейко // Зоотехническая наука Беларуси: сб. науч. тр. – Гродно, 2004. – Т.39. – С.82-86.

40-А. Лобан, Н. А. Влияние полиморфизма гена рецептора E. Coli на проявление колибактериоза и признаки продуктивности свиней / Н. А. Лобан, О. Я. Василюк // Ветеринарная медицина Беларуси. – 2004. – №2. – С. 6-7.

41-А. Лобан, Н. А. Крупная белая порода свиней: методы совершенствования и использования / Н. А. Лобан. – Мн., 2004. – 110 с.

42-А. Молекулярная генная диагностика в свиноводстве Беларуси / Н. А. Лобан [и др.]. – Дубровицы: ВИЖ, 2005. – 42 с. – Авт. также: Зиновьева Н.А., Василюк О.Я., Гладырь Е.А.

43-А. Лобан, Н. А. Селекция на повышение продуктивности свиноматок белорусской крупной белой породы методом молекулярной генной диагностики / Н. А. Лобан, О. Я. Василюк, А. С. Чернов // Эффективное тваринництво. – 2005. – № 8(8). – С. 9-12.

44-А. Лобан, Н. А. Профилактика колибактериоза поросят методами молекулярной генной диагностики / Н. А. Лобан, О. Я. Василюк // Практик. – 2005. – № 7/8. – С. 64-65.

45-А. Лобан, Н. А. Стресс-устойчивость свиней в селекции на повышение качества мяса / Н. А. Лобан // Практик. – 2005. – № 5/6. – С. 54-57.

46-А. Лобан, Н. А. Генные маркеры в селекции свиней белорусской популяции крупной белой породы / Н. А. Лобан, О. Я. Василюк О.Я. // Аграрный вестник Причерноморья: сб. науч. тр. – Одесса, 2005. – Вып. 31. – С. 94-96.

47-А. Лобан, Н. А. Использование ДНК-маркеров в практической селекции свиней крупной белой породы / Н. А. Лобан, О. Я. Василюк // Актуальные проблемы интенсивного развития животноводства: сб. науч. тр. – Горки, 2005. – Вып. 8, ч. 2. – С. 33-36.

48-А. Лобан, Н. А. Использование ДНК-технологий в практической селекции свиней / Н. А. Лобан, Д. С. Драбинович // Молекулярная и прикладная генетика: науч. тр. Международный науч. конф. «Современные проблемы генетики». – Мн., 2005. – Т. 1. – С. 41-42.

49.-А. Лобан, Н. А. Анализ кариотипа свиней крупной белой породы / Н. А. Лобан // Молекулярная и прикладная генетика : науч. тр. Междунар. науч. конф. «Современные проблемы генетики». – Мн., 2005. – Т. 1. – С. 178.

50.-А. Лобан, Н. А. Селекционно-генетический метод профилактики заболеваемости поросят колибактериозом / Н. А. Лобан, О. Я. Василюк, Д. С. Драбинович // Достижения зоотехнической науки и практики – основа развития продукции животноводства : материалы Междунар. науч.-практ. конф. – Волгоград, 2005. – С. 38-43.

51.-А. Селекция на повышение продуктивности свиноматок белорусской крупной белой породы свиней методом молекулярной геномной диагностики / Н. А. Лобан [и др.] // Новые методы генодиагностики и генотерапии. Современное состояние и перспективы использования в сохранении генофонда сельскохозяйственных животных: материалы 5-й междунар. конф. – Дубровицы, 2005. – С. 170-175. – Авт. также: Шейко И.П., Василюк О.Я., Зиновьева Н.А., Гладырь Е.А.

52.-А. Способ селекции по снижению заболеваемости колибактериозом молодняка свиней крупной белой породы / Н. А. Лобан [и др.] // Методы исследований в биотехнологии сельскохозяйственных животных: школа-практикум. – Дубровицы, 2005. – Вып. 4. – С. 98-102. – Авт. также: Василюк О.Я., Зиновьева Н.А., Коновалова Е.Н.

53.-А. Метод селекции по повышению многоплодия свиноматок материнских пород / Н. А. Лобан [и др.] // Методы исследований в биотехнологии сельскохозяйственных животных: школа-практикум. – Дубровицы, 2005. – Вып. 4. – С. 124-128. – Авт. также: Шейко И.П., Василюк О.Я., Зиновьева Н.А., Гладырь Е.А.

54.-А. Лобан, Н. А. Генные маркеры в селекции свиней / Н. А. Лобан, Д. С. Драбинович // Достижения зоотехнической науки и практики – основа развития продукции животноводства : материалы Междунар. науч.-практ. конф. – Волгоград, 2005. – С. 43-47.

55.-А. Лобан, Н. А. Сравнительная оценка методов диагностики стрессчувствительности свиней / Н. А. Лобан // Достижения зоотехнической науки и практики – основа развития продукции животноводства : материалы Междунар. науч.-практ. конф. – Волгоград, 2005. – С. 50-55.

56.-А. Лобан, Н. А. Селекционно-генетические методы повышения продуктивности свиней / Н. А. Лобан, О. Я. Василюк. – Мн.: Белорусский научный институт внедрения новых форм хозяйствования в АПК, 2005. – 56 с.

57.-А. Селекция на повышение многоплодия свиноматок крупной белой породы методом молекулярной геномной диагностики / И. П. Шейко [и др.] // Весці нацыянальнай акадэміі навук Беларусі. Серыя аграрных навук. – 2005. – № 3. – С. 77-81. – Авт. также: Лобан Н.А., Василюк О.Я., Драбинович Д.С.

58.-А. Лобан, Н.А. Современная селекция и генетика – основа эффективной технологии производства свинины / Н. А. Лобан, В. А. Адаменко, Р. И. Шейко // Практик. – 2005. – № 11/12. – С. 38-45.

59.-А. Лобан, Н. А. Возможности снижения заболеваемости поросят колибактериозом методами молекулярной геномной диагностики / Н. А. Лобан, О. Я. Василюк // Ветеринарная наука Беларуси. – 2006. – № 1. – С. 9-11.

60.-А. Лобан, Н. А. Метод молекулярной геномной диагностики в селекционной работе на повышение многоплодия свиноматок крупной белой породы / Н. А. Лобан, О. Я. Василюк, Д. С. Драбинович // Сельское хозяйство – проблемы и перспективы: сб. науч. тр. – Гродно, 2006. – Т. 2: Сельскохозяйственные науки (Зоотехния). – С. 260-265.

61.-А. Лобан, Н. А. Влияние полиморфизма гена ECR/FUT1 на сохранность, гематологические и биохимические показатели поросят-сосунов крупной белой породы / Н. А. Лобан // Учёные записки УААН. – 2006. – Т. 2, вып. 1, ч. 2. – С. 116-119.

62.-А. Лобан, Н. А. Повышение многоплодия свиноматок крупной белой породы с использованием метода маркер-зависимой селекции / Н. А. Лобан, О. Я. Василюк, Д. С. Драбинович // Актуальные проблемы интенсивного развития животноводства: сб. науч.

тр. – Горки, 2006. – Вып. 9, ч. 1. – С. 199-204.

63-А. Лобан, Н.А. Полиморфизм гена ECR F18/FUT1 и уровень обменных процессов в организме поросят-сосунов крупной белой породы / Н. А. Лобан, В. А. Дойлидов, М. И. Дойлидова // Пути интенсификации отрасли свиноводства в странах СНГ : тез.докл. XIII междунар. науч.-практ. конф. по свиноводству (14-15 сент. 2006 г.). – Жодино, 2006. – С. 71-72.

64-А. Лобан, Н.А. Использование методов маркер-зависимой селекции при выведении белорусской крупной белой породы свиней / Н.А. Лобан, О.Я. Василюк, А.С. Чернов // Современные достижения и проблемы биотехнологии сельскохозяйственных животных: материалы междунар. науч. конф. – Дубровицы, 2006. – С. 126-132.

65-А. Влияние полиморфизма гена PTT1/POU1F1 на откормочные и мясные качества свиней белорусской крупной белой породы / Н. А. Лобан [и др.] // Вестник белорусской государственной сельскохозяйственной академии. – 2007. – № 2. – С. 87-89. – Авт. также: Василюк О.Я., Чернов А.С., Зиновьева Н.А.

66-А. Пат. № 3785 РФ Белорусская крупная белая порода свиней / Н. А. Лобан, И. П. Шейко, О. Я. Василюк, Н. В. Подскребкин и др. ; Науч.-практ. центр НАН Беларуси по животноводству. – № 9252359 ; заявл. 14.03.2007 г.; зарег. 28.11.2007 г. в Государственном реестре охраняемых селекционных достижений в ФГУ «Государственная комиссия Российской Федерации по испытанию и охране селекционных достижений».

67-А. А. с. №47510 РФ. Белорусская крупная белая порода свиней / Н. А. Лобан, И. П. Шейко, О. Я. Василюк, Н. В. Подскребкин и др. ; заявитель и патентообладатель РУП «Науч.-практ. центр НАН Беларуси по животноводству». – Заявл. 14.03.2007 ; опубл. 28.11.2007, Гос. Реестр охраняемых селекционных достижений. – 1с.

68-А. Свидетельство № 47509/464 РФ. Свины. Белорусская крупная белая/ Н. А. Лобан, И. П. Шейко, О. Я. Василюк, Н. В. Подскребкин и др.

69-А. Лобан, Н. А. Молекулярная генная диагностика при выведении белорусской крупной белой породы свиней / Н. А. Лобан, О. Я. Василюк, А. С. Чернов // От классических методов генетики и селекции к ДНК-технологиям. – Гомель, 2007. – С. 98-99.].

70-А. Лобан, Н. А. Полиморфизм гена MUC4 у свиней Белорусской крупной белой породы / Н. А. Лобан, А. С. Чернов // Ветеринарная медицина Беларуси. – 2008. – № 3-4. – С. 3-4

71-А. Лобан, Н. А. Влияние полиморфизма гена IGF-2 на откормочные и мясные качества свиней / Н. А. Лобан, А. С. Чернов, Н. А. Зиновьева // Вестник Белорусской государственной сельскохозяйственной академии. – 2008. – № 2. – С. 78-80.

72-А. Лобан, Н. А. Производство конкурентоспособной свинины на основе использования методов молекулярной генной диагностики / Н. А. Лобан, А. С. Чернов, Д. А. Каспирович // Ученые записки УО «ВГАВМ». – 2008. – Т. 44, вып. 2, ч. 1. – С. 86-91.

73-А. Лобан, Н. А. Комплексная оценка продуктивности свиноматок белорусской крупной белой породы селекционно-генетическими методами / Н. А. Лобан, О. Я. Василюк, А. С. Чернов // Зоотехническая наука Беларуси: сб. науч. тр. – Жодино, 2008. – Т. 43, ч. 1. – С. 88-93.

74-А. Лобан, Н. А. Метод комплексной оценки продуктивности свиноматок белорусской крупной белой породы / Н. А. Лобан, А. С. Чернов // Актуальные проблемы интенсивного развития животноводства : сб. науч. тр. – Горки, 2008. – Вып. 11, ч. 2. – С. 125-131.

75-А. Лобан, Н. А. Эффективность использования методов молекулярной генной диагностики в отечественном свиноводстве / Н. А. Лобан, А. С. Чернов // Генетика и биотехнология XXI века. Фундаментальные и прикладные аспекты : сб. междунар. науч. конф. (Минск, 3-6 дек. 2008 г.). – Минск, 2008. – С. 194-197.

76-А. Лобан, Н. А. Генетический профиль хряков плановых пород по гену IGF-2 и его влияние на мясо-откормочные качества потомства / Н. А. Лобан // Ученые записки

УО «ВГАВМ». – 2009. – Т. 45, вып. 2, ч. 2. – С. 125-128.

77-А. Лобан, Н. А. Оценка генотипа хряков пород белорусской селекции по гену MUC4 в ассоциации с сохранным и продуктивностью потомства / Н. А. Лобан // Ветеринарная медицина Беларуси. – 2009. – № 3-4. – С. 10-13.

78-А. Влияние полиморфизма гена IGF-2 на откормочные и мясные качества свиней белорусской крупной белой породы / Н. А. Лобан [и др.] // Актуальные проблемы интенсивного развития животноводства : материалы XII междунар. науч.-практ. конф., посвящ. 75-летию образования кафедры зоогигиены, экологии и микробиологии УО «БГСХА». – Горки, 2009. – С. 230-235. – Авт. также : Василюк О.Я., Чернов А.С., Маликов И.С.

79-А. Лобан, Н.А. ДНК-диагностика признаков продуктивности свиней / Н.А. Лобан, А.С. Чернов // Животноводство России. – 2009. – Спецвып. : Свиноводство. – С. 23-24.

80-А. Лобан, Н. А. Ассоциация сложных полиморфных генотипов хряков по генам EPOR, MUC4 и IGF-2 с мясо-откормочной продуктивностью потомства / Н. А. Лобан // Ветеринарная медицина Беларуси. – 2010. – № 1-2. – С. 5-8.

81-А. Лобан, Н. А. Эффективность селекции на повышение продуктивных качеств свиней белорусской крупной белой породы с использованием маркерных генов / Н. А. Лобан // Вестник БГСХА. – 2010. – № 3. – С. 85-90.

82-А. Лобан, Н. А. Карта генетического профиля свиней белорусской крупной белой породы / Н. А. Лобан, О. Я. Василюк // Вестник БГСХА. – 2010. – № 2. – С. 116-121.

83-А. Лобан, Н. А. Способ селекции для повышения мясо-откормочных качеств свиней на основе скрининга гена IGF-2 и с учетом их полиморфизма / Н. А. Лобан // Актуальные проблемы интенсивного развития животноводства: сб. науч. тр. – Горки, 2010. – Вып. 13, ч. 2. – С. 14-19.

84-А. Лобан, Н. А. Уровень продуктивности и новые методы совершенствования свиней белорусской крупной белой породы / Н. А. Лобан // Современные проблемы интенсификации производства свинины в странах СНГ : сб. науч. тр. XVIII междунар. науч.-практ. конф. по свиноводству (7-10 июля 2010 г.). – Ульяновск, 2010. – Т. 2: Разведение, селекция, генетика и воспроизводство свиней. – С. 221-226.

85-А. Лобан, Н. А. Метод ДНК-технологии по селекции свиней белорусской крупной белой породы / Н. А. Лобан // Инновационные технологии в свиноводстве : сб. науч. тр. 2-й междунар. науч.-практ. конф. (23-24 авг. 2010 г.). – Краснодар, 2010. – С. 33-38.

86-А. Лобан, Н. А. Влияние полиморфизма генов-маркеров ECR F18/FUT1 и MUC4 на сохранность поросят-сосунов белорусской крупной белой породы / Н. А. Лобан, А. С. Чернов // Сельское хозяйство – проблемы и перспективы: сб. науч. тр. – Гродно, 2010. – Т. 1: Зоотехния. Экономика. – С. 85-90.

87-А Лобан, Н. А. Способ маркерной селекции для повышения мясо-откормочных качеств свиней на основе скрининга гена IGF-2 / Н. А. Лобан, И. П. Шейко // Проблемы зооинженерии и ветеринарной медицины: сб. науч. тр. – Харьков, 2010. – Вып. 21, ч. 1: Сельскохозяйственные науки. – С. 179-186.

88-А Лобан, Н. А. Методические рекомендации по повышению откормочных и мясных качеств свиней белорусской крупной белой породы с использованием метода молекулярной генной диагностики / Н. А. Лобан, О. Я. Василюк, Д. А. Каспирович. – Мн., 2010. – 20 с.

89-А. Лобан, Н.А. Ассоциация полиморфных генотипов хряков с мясо-откормочной продуктивностью / Н.А. Лобан // Вестник НГАУ. – 2010. – №3(15). – С. 79-85.

90-А. Лобан, Н. А. Использование метода маркерной селекции для повышения устойчивости свиней к колибактериозу. /Н. А. Лобан //Экология и животный мир. – 2010. – №2. – С.53-62.

91-А. Лобан, Н.А. Повышение продуктивных качеств свиней белорусской крупной

белой породы свиней с использованием маркерных генов /Н. А. Лобан, О. Я. Василюк, И. П. Шейко// Вестці нацыянальнай акадэміі навук Беларусі. – 2011.-№3. – С.89-95.

92-А. Лобан, Н.А. Комплексная система селекции свиней белорусской крупной белой породы / Н.А. Лобан // Вестник НГАУ. – 2011. – №1(17). – С. 64-70.

93-А. Лобан, Н.А. Система повышения откормочных и мясных качеств свиней белорусской крупной белой породы селекционно-генетическими методами/Н.А. Лобан, О.Я. Василюк// Актуальные проблемы интенсивного развития животноводства.– Горки,2011. – С.154-157.

94-А. Лобан, Н. А. Эффективность использования гена *mas4* в качестве маркера продуктивных качеств свиней белорусской крупной белой породы/Н.А. Лобан, Д. Каспирович, А. Чернов// Аграрная экономика. – 2011.-№6. – С.57-62.

95-А. Способ селекции на повышение мясо-откормочных качеств молодняка свиней: заявка № а 20101807 Республика Беларусь: А 01 К / Михайлова М.Г. Лобан Н. А. (ВУ); заявитель и патентообладатель ИГЦ НАНБ. – Заявл. 15.12.10 ; опубл. 2011, Афіц. бюл. № 6. – 6 с.

96-А. Попков, Н.А. Использование методов молекулярной генной диагностики для повышения откормочных и мясных качеств свиней белорусской крупной белой породы/ Н.А. Попков[и др.]// Вестці нацыянальнай акадэміі навук Беларусі. Серыя аграрных навук. – 2008. - №4. – С. 70-74. – Авт. также :Шейко И.П., Лобан Н.А., Василюк О.Я.

97-А. Шейко, И. П. Разработка методов молекулярной генной диагностики и их использование в свиноводстве Беларуси / И.П. Шейко, Н.А. Лобан, О.Я. Василюк // Вести Национальной академии наук Беларуси. Серия аграрных наук. – Минск. – 2005. – №1. – С.62-66.

98-А. Генетические профили свиней белорусской крупной белой породы, построенные на основе анализа ДНК-микросателлитов / И.П. Шейко[и др.] // Вестник белорусской государственной сельскохозяйственной академии. – Горки, 2006. - №3. – С. 99-102. – Авт. также :Лобан Н.А., Зиновьева Н.А., Ларионова П.В.

99-А. Шейко, И.П. Селекция на повышение многоплодия свиноматок крупной белой породы методом молекулярной генной диагностики/ И.П. Шейко, Н.А. Лобан, О.Я. Василюк // Вестці нацыянальнай акадэміі навук Беларусі. Серыя аграрных навук. – 2006. - №3. – С. 77-82.

ПРИЛОЖЕНИЕ

Научное издание

Лобан Николай Александрович
Шейко Иван Павлович

ГЕНОМНАЯ СЕЛЕКЦИЯ В СВИНОВОДСТВЕ

Монография

Ответственный редактор М.В. Джумкова
Компьютерная верстка А.С. Конек

Подписано в печать ___ 12 г. Формат 60x84 1/16.
Бумага офсетная. Гарнитура Таймс.
Усл.-печ. л. 16,74. Уч.-изд. л. 13,51
Тираж 150 экз. Заказ №

Издатель – Республиканское унитарное предприятие
«Научно-практический центр Национальной академии наук
Беларуси по животноводству»
ЛИ № 02330/0552668 от 4 января 2010 г.
222160, Минская обл., г. Жодино, ул. Фрунзе, 11.

Отпечатано с оригинал-макета Заказчика
в МОУП «Борисовская укрупнённая типография им. 1 Мая»
ЛП № 02330/0150443 от 19.12.2008 г.
222120, г. Борисов, ул. Строителей, 33.



Лобан Николай Александрович – кандидат с.-х. наук, доцент, заведующий лабораторией разведения и селекции свиней РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству». Автор 2-х монографий, 27 научно-методических разработок, 245 научных работ, основной автор 3-х селекционных достижений, заводского типа «Заднепровский», белорусской крупной белой породы, заводского типа в породе йоркшир-«Днепробугский», имеет 5 патентов на изобретения. Ведущий специалист в вопросах разведения и селекции свиней, технологии производства свинины.

Адрес: 222160 г. Жодино, ул. Фрунзе,

11.

Тел. 8 - (01775) - 2-27-88

Факс 8 - (01775) - 3-52-83.

Моб. тел. 8 - (029) – 930-40-14

E-mail: nikoly_loban@mail.ru



Шейко Иван Павлович – доктор с.-х. наук, профессор, академик НАН Беларуси, иностранный член Российской академии сельскохозяйственных наук, Заслуженный деятель науки Республики Беларусь, первый заместитель генерального директора РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству». Автор 547 научных работ, в

т.ч. 11 монографий, 2 учебников. Ведущий специалист в области разведения, селекции, генетики и воспроизводства сельскохозяйственных животных. Разработал технологию получения высокопродуктивных гибридов и кроссов свиней. При его непосредственном участии выведена и апробирована белорусская мясная порода свиней, белорусская черно-пестрая порода крупного рогатого скота и белорусская упряжная порода лошадей. Выпустил 37 кандидатов с.-х. наук, 13 докторов с.-х. наук.

ПЛАНИРОВАНИЕ СИСТЕМЫ ВОСПРОИЗВОДСТВА И НЕКОТОРЫХ ЗООТЕХНИЧЕСКИХ ПАРАМЕТРОВ В УСЛОВИЯХ ПРОМЫШЛЕННОГО СВИНОВОДСТВА (на примере свиного комплекса мощностью 54000 голов)

1. ОБЩИЕ ПОЛОЖЕНИЯ

Расчет технологии воспроизводства свиней будет привязан к конкретной местности и планируемой инфраструктуре.

Технология выращивания основана на многоплощадочной схеме. Все площадки расположены на безопасном в ветеринарном отношении расстоянии друг от друга. Производство предполагается расположить на 4-х площадках:

- Репродуктор с отделением для ремонтных свинок, осеменяемых, супоросных и подсосных свиноматок;
- Сектор дорастивания расположен на отдельной площадке;
- Сектор откорма также расположен на одной площадке;
- Хрячник включен в состав репродуктора, при этом имеет отдельный вход.

2. ТЕХНОЛОГИЧЕСКИЕ ПАРАМЕТРЫ СВИНОКОМПЛЕКСА

2.1. Расчет поголовья и производственной мощности свиного комплекса

Таблица 2.1 – Производственный цикл свиноматки

№ п/п	Фазы	Продолжительность, дней
1	Отдых (сервис-период)	12
2	Осеменение и условная супоросность	32
3	Установленная супоросность	78
4	Тяжелосупоросный период в станках для опоросов (адаптация)	7
5	Подсосный период	26
Общая продолжительность цикла*		155

Примечание: *- продолжительность подготовки и санации станков при индивидуальном, групповом и подсосном содержании – 2 дня

Таблица 2.2 – Технологические параметры

№ п/п	Показатели	Количество
1	Технологическая группа свиноматок на осеменении (их расчета 75 % эффективности осеменений), гол.	154
2	Технологическая группа осемененных маток (передача на опорос) с учетом 6 % расформировки маток с аварийных опоросов, гол.	115
3	Технологическая группа подсосных маток, гол.	108
4	Отъем поросят от матки в возрасте, дней	26
5	Количество поросят на 1 опорос, гол.: от основных свиноматок от проверяемых свиноматок	10,5 10,8 10,0
6	Выход поросят на отъеме (при 6 % падеже), гол.: от основных свиноматок от проверяемых свиноматок	9,87 10,15 9,4
7	Проходимость свиноматок после осеменения, %	25
8	Среднесуточный прирост живой массы свиней, г: поросят сосунов (0-26 дней) поросят-отъемышей (27-72 дня) молодняка на откорме (73-81 день)	250 490 734
9	Сохранность молодняка за период выращивания, %: поросят-сосунов поросят на дорастивании молодняка на откорме	94 95 98
10	Ритм производства, дней	7

Таблица 2.3 – Оптимальная структура стада свиней

№ п/п	Половозрастные группы свиней	Лимит, %	Предлагаемый	
			%	гол.
1	Хряки (основные, проверяемые, пробники)	0,1-0,3	0,1	28
2	Матки холостые (условно супоросные и на отдыхе)	2,5-4,0	2,8	983
3	Матки подсосные	1,5-3,0	1,6	556
4	Матки супоросные	5,5-6,0	5,6	2028
5	Поросята 0-26 дней	16-20	16,2	5838
6	Поросята на дорастивании	21-25	22	7938
7	Молодняк на откорме	42-50	49,6	18144
8	Ремонтные свинки на дорастивании	0,5-1,0	0,4	134
9	Ремонтные свинки на выращивании	0,8-1,3	0,8	291
10	Ремонтные свинки на стимуляции	0,5-0,8	0,5	158
11	Выбракованные свиньи на откорме	0,4-0,7	0,4	120
Итого по комплексу			100	36218

Таблица 2.4 – Расчет движения поголовья

№ п/п	Операции	Значения
1	Количество опоросов в год от основных маток (365:155)	2,355
2	Количество супоросных маток в группе (108 станкомест+7 на рассадку), гол.	115
3	Период занятости станков в зданиях опоросов, дней: период тяжелосупоросности период подсоса период санации	35 7 26 2
4	Будет проведено опоросов в станке (365:35)	10,43
5	Всего станков на свинокомплексе (5 секций × 108), штук	540
6	Будет проведено опоросов за год (без учета аварийных): 540×10,43	5632
7	В зданиях опоросов будет получено поросят (5632×10,5), гол.	59136
8	Будет передано на площадку дорашивания (59136×0,94), гол.	55588
9	Будет передано на площадку откорма (55588×0,96), гол.	53364
10	Снято с откорма и отправлено на убой (53364×0,98), гол.	52297
11	Количество станкомест на площадке дорашивания	1200
12	Продолжительность дорашивания, дней	46
13	Время подготовки, дней	3
14	Всего продолжительность цикла дорашивания (46+3), дней	49
15	Количество циклов дорашивания в год (365:49)	7,5
16	Требуется скотомест (55588:7,5)	7412
17	Требуется зданий (7412:1200)	6,2
18	Количество мест в здании откорма	2400
19	Период откорма, дней	100
20	Период дезинфекции, дней	2
21	Продолжительность цикла на откорме (100+2), дней	102
22	За год в зданиях откорма будет произведено оборотов станков (365:102)	3,58
23	Всего требуется станков (53364:3,58), мест	14906
24	Требуется зданий (14906:2400)	6,21

Таблица 2.5 – Годовой расчет объемов выращивания и реализации свиней

Показатели	Расчетные показатели
Реализация: откормочного молодняка за вычетом 2% вынужденного убоя в период откорма, гол. вес реализации (предубойный вес), ц непроизводительное выбытие (санитарный убой), гол. их живая масса, ц выбракованных основных свиноматок при 40% годовой выбраковке, гол. их живая масса, ц выбракованных проверяемых свиноматок при 50% годовой выбраковке, гол. их живая масса, ц всего поголовья, гол. их живая масса, ц	52297 57526,7 (52297×1,1) 1070 749 (1070×0,7) 1427 (3567×0,4) 2568,6 (1427×1,8) 714 (1427×0,5) 1071 (714×1,5) 55508(52297+1070+1427+714) 61915,3(57526,7+749+2568,6+1071)
Планный валовой доход от реализации свинины при стоимости 1 ц 5500 руб., млн. руб.	340,5 (61915,3×5500)

3. ТЕХНОЛОГИЯ КОРМЛЕНИЯ

3.1. Кормление хряков-производителей

Кормление хряков-производителей организовывается так, чтобы получить от них высококачественную сперму в течение всего года. Кормят хряков в соответствии с детализированными нормами кормления с учетом возраста, живой массы, состояния упитанности и половой нагрузки. В тех случаях, когда упитанность животных ниже средней, нормы кормления увеличивают, обращая особое внимание на содержание в рационах незаменимых аминокислот, витаминов А, Д, Е, группы В, а также минеральных веществ. Молодых хряков не следует кормить в избытке, поскольку это плохо влияет на состояние ног.

Таблица 3.1 – Предлагаемая схема кормления хряков

Живая масса, кг	Кормовых единиц/день	Комбикорм
25-50	Вволю	СК-21
50-90	Максимально 2,9 к.ед./день	СК-1
Свыше 90	В зависимости от состояния (2-4 кг комбикорма в день)	СК-1

Требуется четко соблюдать зоогигиенические параметры микроклимата, снижение температуры ниже 20 °С на каждый градус влечет дополнительные затраты корма минимум 100 г.

Кормление взрослых хряков-производителей осуществляется полнорационным комбикормом СК-1.

Таблица 3.2 – Примерный рецепт полнорационного комбикорма СК-1 для холостых и супоросных свиноматок, хряков-производителей и ремонтных свинок

Состав		В рецепте, %
1		2
Пшеница, млн. МЕ/т		25,00
Ячмень		12,17
Кукуруза		25,00
Горох		7,70
Отруби пшеничные		8,00
Шрот подсолнечный СП 34% кл. 19%		6,70
Шрот соев. тост. (СПР 41-45%)		10,00
Заменитель обезжиренного молока		2,00
Известняковая мука		1,80
Соль поваренная		0,40
Микосорб		0,13
Лизин кормовой 78%		0,10
КС-1 свиноматок		1,00
Показатели качества		
Наименование		Содержится
Обменная энергия свиней, МДж/кг		12,53
Сырой протеин, %		15,98
Сырой жир, %		2,86
Сырая клетчатка, %		5,90
Лизин, %		0,80
Метионин+цистин, %		0,51
Треонин, %		0,58
Триптофан, %		0,18

Продолжение таблицы 3.2

1	2
Са, %	0,80
Р, %	0,54
NaCl, %	0,42
Витамин А, млн. МЕ/т	20,00
Витамин Е, г/т	25,42
Витамин D ₃ , млн. МЕ/т	2,00
Витамин К ₃ , г/т	1,00
Витамин В ₁ , г/т	2,63
Витамин В ₂ , г/т	5,58
Витамин В ₃ , г/т	14,88
Витамин В ₄ , г/т	479,00
Витамин В ₅ , г/т	38,00
Витамин В ₆ , г/т	6,20
Витамин В ₁₂ , г/т	0,02
Витамин Н (биотин), г/т	0,05
Каротин, г/т	0,21
Fe, г/т	116,90
Mn, г/т	53,36
Zn, г/т	91,81
Cu, г/т	11,48
Co, г/т	0,22
Se, г/т	0,20
J, г/т	0,17
S, %	0,05
Ca/P	1,48

Следует отметить, что комбикорм СК-1 не в полной мере обеспечивает хряков протеином и другими компонентами питания. Поэтому обязательным, наряду с комбикормом, следует включение в рацион свиней 2,5-4 кг обраты на голову в сутки, 150 г меланжа или сырых яиц, 40 г/сутки рыбьего жира.

Для улучшения вкусовых качеств и повышения усвояемости питательных веществ кормов к ним рекомендуется добавлять по 2-3 кг на голову сочных кормов (свеклы, моркови, картофеля и др.), а в летний период – 3-4 кг массы бобовых трав (клевера, люцерны и др.).

Необходимо обеспечение животных свежей водой в достаточном количестве. Кормление следует осуществлять 2 раза в сутки влажным или увлажненным комбикормом.

3.2. Кормление свиноматок

3.2.1. Кормление поросят-сосунов и супоросных свиноматок

Для удобства составления схем кормления и рационов для поросят-сосунов можно пользоваться разработанными подекадными нормами потребности поросят в питательных веществах, изложенными в таблицах.

Таблица 3.3 – Подекадная потребность поросят-сосунов в питательных веществах

Показатели потребности	Декада								
	Первая (живая масса поросят 1,3-2,45 кг)			Вторая (живая масса поросят 2,45-4,8 кг)			Третья (живая масса поросят 4,8-8,0кг)		
	мо-ло-ко	под-корм-ка	ито-го	мо-ло-ко	под-корм-ка	ито-го	мо-ло-ко	под-корм-ка	ито-го
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Натуральных кормов, г	697	-	-	759	69	-	560	390	-
Сухих веществ, г	132	-	132	140	55	195	106	305	411
Обменная энергия, Мкал	0,79	-	0,79	0,83	0,18	1,01	0,62	1,04	1,66
Кормовых единиц	0,35	-	0,35	0,37	0,08	0,45	0,27	0,46	0,73
Сырого протеина, г	36	-	36	40	10	50	32	51	83
Переваримого протеина, г	35	-	35	39	8	47	31	40	81
Сырой клетчатки, г	-	-	-	-	3	3	-	19	19
Жиры, г	56	-	56	57	2	59	41	7	48
Лактозы, г	35	-	35	38	-	38	27	-	27
Лизина, г	3,5	-	3,5	3,8	0,6	4,4	2,8	3,6	6,4
Метионина+цистина, г	1,4	-	1,4	1,5	0,4	1,9	1,1	2,2	3,3
Триптофана, г	0,5	-	0,5	0,6	од	0,7	0,4	0,8	1,2
Натуральных кормов, г	560	390	-	365	586	-	254	745	-

Продолжение таблицы 3.3

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Сухих веществ, г	106	305	411	91	462	553	60	588	648
Обменная энергия, Мкал	0,62	1,04	1,66	0,53	1,57	2,10	0,34	1,99	2,33
Кормовых единиц	0,27	0,46	0,73	0,24	0,69	0,93	0,15	0,88	1,03
Сырого протеина, г	32	51	83	28	84	112	17	107	124
Переваримого протеина, г	31	40	71	27	66	93	16	84	112
Сырой клетчатки, г	-	19	19	-	28	28	-	35	35
Жиры, г	41	7	48	33	13	46	22	16	38
Лактозы, г	27	-	27	23	-	23	18	-	18
Лизина, г	2,8	3,6	6,4	1,8	5,3	7,1	1,3	6,8	8,1
Метионина+цистина, г	1Д	2,2	3,3	0,7	3,3	4,1	0,5	4,2	4,7
Триптофана, г	0,4	0,8	1,2	0,3	1,2	1,5	0,2	1,5	1,7

Таблица 3.4 – Нормы кормления поросят-сосунков в зависимости от живой массы и интенсивности роста

Показатели	Живая масса, кг							
	4	6	8	10	12	14	16	18
	Среднесуточный прирост, г							
	200	240	260	290	340	370	420	450
1	2	3	4	5	6	7	8	9
Кормовых единиц	0,42	0,51	0,60	0,70	0,80	0,91	1,03	1,13
Обменная энергия, МДж	4,7	5,66	6,66	7,77	8,88	10,09	11,43	12,54
Сухое вещество, кг	0,27	0,32	0,41	0,47	0,54	0,65	0,74	0,81
Сырой протеин, г	72	87	103	118	135	150	171	187
Переваримый протеин, г	64	73	84	96	111	123	140	153
Лизин, г	3,9	4,5	5,1	5,9	6,8	7,2	8,2	9,0
Метионин + цистин, г	2,4	2,7	3,1	3,5	4,1	4,3	4,9	5,4
Сырой жир, г	30	36	37	38	39	40	41	42
Сырая клетчатка, г	-	11	15	17	19	27	31	34
Соль поваренная, г	-	1,0	2,0	2,0	2,0	3,0	3,0	3,0

Продолжение таблицы 3.4

1	2	3	4	5	6	7	8	9
Кальций, г	4,0	4,4	4,7	5,4	6,2	6,7	7,7	8,4
Фосфор, г	3,1	3,3	3,7	4,3	4,9	5,4	6,1	7,0
Железо, мг	32	36	47	54	62	75	86	94
Медь, мг	4	5	7	8	9	11	13	14
Цинк, мг	22	27	35	40	46	57	64	70
Марганец, мг	11	14	18	21	24	30	34	37
Кобальт, мг	0,4	0,4	0,5	0,5	0,6	0,8	0,9	1,0
Йод, мг	0,09	0,11	0,14	0,16	0,18	0,23	0,26	0,28
Витамин А, тыс. МЕ	2,0	2,2	2,8	3,2	3,5	3,8	4,3	4,7
Витамин D, тыс. МЕ	0,2	0,2	0,3	0,3	0,3	0,4	0,4	0,5
Витамин Е, мг	12	14	18	21	24	29	33	36
Витамин В ₁ , мг	1,0	1Д	1,4	1,7	1,8	1,9	2,1	2,3
Витамин В ₂ , мг	2,0	2,2	2,9	3,3	3,5	3,7	4,2	4,6
Витамин В ₃ , мг	6	7	9	11	12	15	17	19
Витамин В ₄ , мг	0,4	0,5	0,7	0,8	0,9	1,0	1,1	1,2
Витамин В ₅ , мг	10	14	18	21	31	37	42	46
Витамин В ₁₂ , мкг	9	11	14	16	18	19	21	23

Кормление супоросной свиноматки должно обеспечивать имплантацию оплодотворенных яйцеклеток, развитие зародышей, а также увеличение живой массы тощих свиноматок, рост вымени и рождение здоровых поросят. Данный период можно разделить на два:

1. Первые 90 дней для приведения в порядок состояния свиноматки;
2. Последние 3 недели для скармливания дополнительного корма для роста эмбрионов.

Кормление свиноматок осуществляется комбикормами рецепта СК-1.

За последнюю неделю до опороса количество корма следует сократить до 2,5 кг/сутки, поскольку избыток корма может привести к лихорадке во время опороса, а переполненный кишечник будет сужать родовые пути свиноматки.

3.2.2. Кормление подсосных свиноматок

Подсосных свиноматок следует кормить вволю, чтобы гарантировать максимальное производство молока и снизить потери ресурсов организма. Так, в 6 л молока, в среднем выделяемых маткой в сутки, содержится 28,2 МДж энергии, 380 г белка, 430 г жира, 270 г молочного сахара и 72 г минеральных веществ.

Кормление осуществляется стандартным комбикормом СК-1. В первые часы после опороса матку не кормят, а через 5-6 часов скармливают 0,6-0,7 кг комбикорма в виде жидкой болтушки.

Таблица 3.5 – Примерная схема кормления подсосных свиноматок

Дни после опороса	Расход комбикормов	
	за день	за прием
До опороса	2,5	1,25
1-ый день	-	-
Со 2-го по 4-ый	1,5	0,75
С 5-го по 7-ой	2,5	1,25
С 8-го по 9-ый	4,0	2,0
С 10-го по 22-ой	5,3	2,65
С 23-го по 26-ой	3,5	1,75

Маткам с низкой упитанностью или ожиревшим нормы кормления следует, соответственно, увеличивать или уменьшать из расчета на каждые 100 г среднесуточного прироста массы тела 0,4 к. ед., или 4,4 МДж обменной энергии.

Следует отметить, что многие свиноматки сразу после опороса имеют хороший аппетит и, если их недокармливать, они становятся беспокойными и могут при этом задавливать поросят. В таких случаях маток кормят исходя из их аппетита.

После отъема свиноматкам следует давать до 3,5 кг комбикорма в день, чтобы обеспечить выраженную охоту и выход яйцеклеток.

Таблица 3.6 – Программа кормления свиноматок (на 1 голову в сутки)

Показатели	Период, дней	Расход кормов, кг	
		в сутки	за период
На отдыхе после отъема	12	3,5	42
Условно-супоросные	32	3,5	112
0-60 дней супоросности	60	2,5	150
61-85 дней супоросности	25	3,0	75
86-109 дней супоросности	24	3,6	86,4
Тяжелосупоросные	7	2,5	17,5
Подсосные	26	5,3	137,8

3.3. Кормление поросят

Следует помнить, что молодняк свиней рождается на более ранней стадии внутриутробного развития по сравнению с другими сельскохозяйственными животными. Кроме того, он сохраняет максимальную напряженность роста после рождения. Поросянок в течение первых двух месяцев жизни увеличивает свою массу тела в 18-20 раз. Белки молока новорожденными усваиваются полностью. Начиная с 7-10 дня жизни, поросята могут успешно усваивать белки других кормов, но только легкопереваримые и высокого качества: белки сухого обезжиренного молока, сухой молочной сыворотки, рыбной муки, а белки растительного происхождения перевариваются значительно хуже.

Высокая интенсивность роста поросят-сосунов может быть обеспечена только при условии поступления с кормами оптимального количества питательных веществ. При этом следует учитывать, что емкость пищеварительных органов у поросят в первые часы жизни небольшая, поэтому требуется высокая концентрация элементов питания в весовой единице корма.

Для подкормки поросят-сосунов используются полнорационные предстартерные комбикорма рецептуры СК-11, которые богаты легкоусвояемыми углеводами, содержат достаточное количество протеина (22 %) с оптимальным набором аминокислот. Биологически активные вещества вводятся в комбикорм с премиксом КС-3, который представляет собой набор витаминов, микроэлементов и антибиотиков.

Таблица 3.7 – Примерный рецепт комбикорма СК-11 для поросят в возрасте 9-42 дня

Состав	В рецепте, %
1	2
Ячмень экструдированный	66,5
Шрот соевый	6,0
Рыбная мука	5,0
Микромель	20,0
Дикальций фосфат	0,4
Мел	1,0
Соль	0,1
Премикс КС-3	1,0
Показатели качества	
Показатели	Содержится
Обменная энергия свиней, МДж/кг	14,0
Сырой протеин, %	21,8
Сырая клетчатка, %	2,0

Продолжение таблицы 3.7

1	2
Кормовых единиц, кг	1,26
Лизин, %	1,31
Метионин+цистин, %	0,74
Ca, %	0,78
P, %	0,59
NaCl, %	0,50
Витамин А, млн. МЕ/т	10,0
Витамин D ₃ , млн. МЕ/т	2,0
Витамин B ₁ , г/т	2,5
Витамин B ₂ , г/т	5,0
Витамин B ₃ , г/т	20,0
Витамин B ₄ , г/т	300,0
Витамин B ₅ , г/т	50,0
Витамин B ₁₂ , г/т	0,03
Витамин E, г/т	40,0
Cu, г/т	25,0
Fe, г/т	47,0
Co, г/т	1,0
Mn, г/т	40,0
Zn, г/т	75,0
J, г/т	0,50
S, %	0,15

Таблица 3.8 – Программа кормления поросят-сосунов

Возраст, дней	Продолжительность периода, дней	Живая масса, кг	Среднесут. прирост, г	Потребление корма		Комбикорм
				в сутки, г	за период, кг	
5-7	приучение					СК-11
8-10	3	2,0-2,45	150	10	0,03	-/-
11-15	5	2,45-3,45	200	30	0,15	-/-
16-20	5	3,45-4,8	270	60	0,30	-/-
21-26	6	4,8-7,6	460	100	0,60	-/-

Примечание: начиная с 8-го дня жизни, сухой рассыпной комбикорм насыпают в небольшом количестве на пол или в мелкую сковороду вблизи обогревательной лампы, комбикорм меняют не реже 4-х раз в сутки, чтобы он был постоянно свежим.

3.3.2. Кормление поросят на доращивании

Для раннего отъема пригодны поросята, приученные к потреблению подкормки, живой массой 7-10 кг. Доотъемный период при такой технологии можно уменьшить до 5-6 суток. Этого времени вполне достаточно, чтобы приучить поросят не испытывать стресса из-за отсутствия свиноматки.

Отъем – наиболее критическая стадия в жизни животного. В период отъема поросята остаются без материнского молока с почти 100%-ной усвояемостью и должны расти на предлагаемом корме. Корм для поросят-отъемышей должен содержать молочный протеин или рыбную муку в комбинации с растительным белком. Содержание энергии должно составлять не менее 1,4 к. ед. на 1 кг корма.

В кормлении поросят-отъемышей используется стандартный полнорационный комбикорм СК-16.

После отъема в первый день поросятам дают всего 40 г корма на голову в сутки, на 2-7 день – 60 г, на 8-9 день – 80 г комбикорма СК-16. В эти дни комбикорм рассыпают на полу, чтобы каждое животное могло беспрепятственно съесть свою порцию корма. Начиная с 10-го дня, комбикорм насыпают в кормушку, и выдача его увеличивается согласно программе кормления.

Таблица 3.9 – Примерный рецепт комбикорма СК-16 для поросят в возрасте 43-60 дней

Состав	В рецепте, %
1	2
Ячмень шелушенный	31,8
Пшеница экструдированная	25,0
Ячмень экструдированный	15,0
Шрот соевый	11,5
Шрот подсолнечниковый	2,6
Рыбная мука	3,0
Микромель	8,0
Фосфат	0,8
Мел	1,0
Соль	0,3
Премикс КС-3	1,0
Показатели качества	
Показатели	Содержится
Обменная энергия, МДж/кг	13,3
Кормовых единиц, кг	1,20
Сырой протеин, %	20,1

Продолжение таблицы 3.9

1	2
Сырая клетчатка, %	3,3
Метионин+цистин, %	0,66
Лизин, %	1,03
Ca, %	0,85
P, %	0,60
NaCl, %	0,56
Витамин А, млн. МЕ/т	10,0
Витамин D ₃ , млн. МЕ/т	2,0
Витамин B ₁ , г/т	2,5
Витамин B ₂ , г/т	5,0
Витамин B ₃ , г/т	20,0
Витамин B ₄ , г/т	0,30
Витамин B ₅ , г/т	50,0
Витамин B ₁₂ , г/т	0,025
Витамин E, г/т	40,0
Cu, г/т	25,0
Fe, г/т	47,0
Co, г/т	1,0
Mn, г/т	40,0
Zn, г/т	75,0
J, г/т	0,50
S, %	0,15

Комбикорм должен содержать не менее 1,13 кормовые единицы на 1 кг, наличие в корме растительного белка является достаточным, но добавление 1-2 % животного протеина дает хорошую отдачу. Этим требованиям соответствует полнорационный комбикорм СК-21.

Таблица 3.10 – Примерный рецепт комбикорма СК-21 для поросят на до-ращивании в возрасте 61-104 дня

Состав	В рецепте, %
1	2
Ячмень шелушенный	12,5
Пшеница экструдированная	30,2
Тритикале экструдированный	20,0
Шрот соевый	5,0
Шрот подсолнечниковый	14,1
Мясокостная мука	3,0
Дрожжи кормовые	4,0

Продолжение таблицы 3.10

1	2
Фосфат	0,2
Мел	0,9
Соль	0,2
Премикс КС-3	1,0
Лизин	0,1
Показатели качества	
Показатели	Содержится
Обменная энергия, МДж/кг	12,4
Кормовых единиц, кг	1,23
Сырой протеин, %	17,1
Сырая клетчатка, %	4,12
Метионин+цистин, %	0,61
Лизин, %	0,86
Са, %	0,83
Р, %	0,62
NaCl, %	0,17
Витамин А, млн. МЕ/т	10,0
Витамин D ₂ , млн. МЕ/т	2,0
Витамин В ₁ , г/т	25,0
Витамин В ₂ , г/т	50,0
Витамин В ₃ , г/т	20,0
Витамин В ₄ , г/т	0,30
Витамин В ₅ , г/т	50,0
Витамин В ₁₂ , г/т	0,025
Витамин Е, г/т	40,0
Сu, г/т	25,0
Fe, г/т	47,0
Со, г/т	1,0
Mn, г/т	40,0
Zn, г/т	75,0
J, г/т	0,55
S, %	0,15

Таблица 3.11 – Программа кормления поросят на доразивании

Возраст, дней	Продолжительность периода, дней	Живая масса, кг	Средне-суточный прирост, г	Потребление корма		Комбикорм
				в сутки, г	за период, кг	
27-35	9	7,6-10,4	310	150	1,35	-/-
36-39	4	10,4-11,7	320	350	1,4	-/-
40-44	5	11,7-13,5	350	450	2,25	-/-
45-49	5	13,5-16,0	500	600	3,0	СК-16
50-54	5	16,0-19,0	590	650	3,25	-/-
55-59	5	19,0-22,0	600	700	3,5	-/-
60-64	5	22,0-25,0	610	750	3,75	-/-
65-72	8	25,0-30,0	620	850	6,8	СК-21

3.4. Откорм

Биологические особенности свиней позволяют вести мясной откорм с высокой интенсивностью. Мясной откорм подразделяется на два периода, что обусловлено неодинаковыми требованиями животных разной массы к качественной полноценности рационов.

В первый период откорма (живая масса 50-70 кг) для получения высокого прироста живой массы в рационы молодняка необходимо включать богатые протеином корма. Рацион кормления должен обеспечивать потребление 2,95 кг корма на 1 кг прироста. Содержание энергии должно составлять не менее 0,95 к. ед. на 1 кг прироста.

Финальный период (70-112 кг) следует включать в состав комбикорма корма, благоприятно влияющие на качество мясосальной продукции (ячмень, пшеницу, горох и др.). Конверсия корма в этот период – не более 3 кг корма на 1 кг прироста.

Для откорма свиней применяются комбикорма СК-26 (I период) и СК-31 (II период). В первый период откорма молодняк получает 1,8-2,2 кг комбикорма СК-26, во второй – 2,3-2,8 кг комбикорма СК-31 в сутки на голову. Программа кормления животных позволяет правильно и экономно расходовать корма при изменении возраста и живой массы животных.

Таблица 3.12 – Примерный рецепт полнорационного комбикорма СК-26 для откорма свиней I периода

Состав		В рецепте, %
1		2
Пшеница		27,52
Ячмень		43,00
Кукуруза		10,00
Шрот подсолнечный СП 34% кл. 19%		4,30
Шрот соев. тост. (СПР 41-45%)		7,00
Мука мясокостная (своя)		1,00
Известняковая мука		2,00
Финишер (Сехаве) 899		5,00
Микосорб		0,08
Лизин кормовой 78%		0,10
Показатели качества		
Показатели		Содержится
Обменная энергия свиней, МДж/кг		12,13
Сырой протеин, %		14,53
Сырой жир, %		2,50
Сырая клетчатка, %		6,32
Лизин, %		0,87
Метионин+цистин, %		0,51
Треонин, %		0,55
Триптофан, %		0,18
Са, %		0,86
Р, %		0,45
NaCl, %		0,28
Витамин А, млн. МЕ/т		7,20
Витамин Е, г/т		31,50
Витамин Д ₃ , млн. МЕ/т		1,50
Витамин К ₃ , г/т		0,46
Витамин В ₁ , г/т		0,54
Витамин В ₂ , г/т		4,58
Витамин В ₃ , г/т		6,90
Витамин В ₄ , г/т		205,05
Витамин В ₅ , г/т		32,49
Витамин В ₆ , г/т		1,18
Витамин В ₁₂ , г/т		0,02
Витамин В _с , г/т		0,04
Витамин Н (биотин), г/т		0,04
Fe, г/т		156,20

Продолжение таблицы 3.12

1	2
Мп, г/т	31,83
Zn, г/т	74,36
Сu, г/т	19,62
Со, г/т	0,21
Se, г/т	0,26
J, г/т	0,58
S, %	0,01

Таблица 3.13 – Примерный рецепт полнорационного комбикорма СК-31 для откорма свиней II периода

Состав	В рецепте, %
1	2
Пшеница	25,00
Ячмень	39,30
Кукуруза	11,50
Горох	7,85
Шрот подсолнечный СП 36% и более	8,00
Шрот соев. тост. (СПР 41-45%)	4,00
Мука мясокостная (своя)	1,10
Дефторированный фосфат	0,10
Известняковая мука	1,70
Соль поваренная	0,20
Лизин кормовой 78%	0,25
КС-5 откорма свиней 2-го периода	1,00
Показатели качества	
Показатели	Содержится
Обменная энергия свиней, МДж/кг	12,01
Кормовые единицы, в 100 кг	113,06
Сырой протеин, %	13,67
Сырая клетчатка, %	6,64
Лизин, %	0,76
Метионин+цистин, %	0,45
Са, %	0,77
Р, %	0,48
NaCl, %	0,22
Витамин А, млн. МЕ/т	4,50
Витамин Е, г/т	1,72
Витамин D ₃ , млн. МЕ/т	0,90
Витамин В ₁ , г/т	0,53

Продолжение таблицы 3.13

1	2
Витамин В ₂ , г/т	1,66
Витамин В ₃ , г/т	4,21
Витамин В ₄ , г/т	257,50
Витамин В ₅ , г/т	11,84
Витамин В ₆ , г/т	0,92
Витамин В ₁₂ , г/т	0,02
Витамин Н (биотин), г/т	0,02
Fe, г/т	93,63
Mn, г/т	27,29
Zn, г/т	52,63
Cu, г/т	5,64
Co, г/т	0,16
Se, г/т	0,15
J, г/т	0,31
S, %	0,02

Таблица 3.14 – Программа кормления молодняка свиней на откорме

Возраст, дней	Продолжительность периода, дней	Живая масса, кг	Среднесуточный прирост, г	Потребление корма		Комбикорм
				в сутки, г	за период, кг	
73-79	7	30,0-34,4	630	1100	7,7	-/-
80-84	5	34,4-37,3	650	1300	6,5	-/-
85-98	14	37,3-47,0	690	1650	23,1	-/-
99-105	7	47,0-52,0	720	1800	12,6	СК-26
106-112	7	52,0-57,0	730	1950	13,65	-/-
113-119	7	57,0-62,3	750	2100	14,7	-/-
120-126	7	62,3-67,7	770	2200	15,4	-/-
127-144	18	67,7-81,9	790	2300	41,4	СК-31
145-162	18	81,9-96,3	800	2600	46,8	-/-
163-181	19	96,3-112,0	820	2800	53,2	-/-

3.5. Кормление ремонтного молодняка

Качество ремонтного молодняка определяет будущую продуктивность стада. Система кормления племенных животных должна обеспечивать выращивание здоровых, конституционально-крепких животных. На ремонт стада отбирают здоровых, хорошо развитых поросят, имеющих живую массу не ниже 16-18 кг. В 9-10-месячном возрасте свинки в промышленных стадах должны иметь живую массу не менее 115-120 кг, в племенных – 140-150 кг в возрасте 10-11 месяцев. Племенные хрячки в возрасте 12 месяцев должны достигать живой массы не менее 180-200 кг в основном за счет развития костной и мускульной тканей.

Однако в настоящее время наблюдается тенденция к интенсификации выращивания ремонтного молодняка. Она обусловлена стремлением к ускорению оборачиваемости поголовья, уменьшению расхода кормов. Высокая интенсивность роста свинок позволяет к 7,5-8 месяцам получать животных с массой 140 кг. В этом случае свинки быстрее достигают половой зрелости и ко времени осеменения имеют два полноценных половых цикла. При интенсивном выращивании свинок используется дифференцированный режим кормления, когда максимальный прирост получают до начала осаливания, а затем ограничивают прирост, не допуская ожирения. Следует учитывать, что обильное кормление становится рискованным только после 5-6 месяцев.

Программа кормления ремонтных свинок до 72 дней соответствует программе кормления откормочного молодняка.

После 72 дней ремонтных свинок следует кормить ограниченно комбикормом СК-1. В последнюю неделю перед случкой следует давать комбикорм вволю для получения как можно большего количества яйцеклеток в период охоты (до 4 кг комбикорма в сутки).

Таблица 3.15 – Программа кормления ремонтных свинок

Возраст, дней	Продолжительность периода, дней	Живая масса, кг	Среднесуточный прирост, г	Потребление корма		Комбикорм
				в сутки, г	за период, кг	
1	2	3	4	5	6	7
Поросята-сосуны						
8-10	3	2,0-2,45	150	10	0,03	СК-11
11-15	5	2,45-3,45	200	30	0,15	---
16-20	5	3,45-4,8	270	60	0,30	---
21-26	6	4,8-7,6	460	100	0,60	---

Продолжение таблицы 3.15

1	2	3	4	5	6	7
Поросята на доразивани						
27-35	9	7,6-10,4	310	150	1,35	---
36-39	4	10,4-11,7	320	350	1,4	---
40-44	5	11,7-13,5	350	450	2,25	---
45-49	5	13,5-16,0	500	600	3,0	СК-16
50-54	5	16,0-19,0	590	650	3,25	---
55-59	5	19,0-22,0	600	700	3,5	---
60-64	5	22,0-25,0	610	750	3,75	---
65-72	8	25,0-30,0	620	850	6,8	СК-21
Поросята на выращивани						
73-77	5	30,0-33,1	620	1200	6,0	---
78-84	7	33,1-37,5	630	1250	8,75	---
85-91	7	37,5-42,0	650	1350	9,45	---
92-98	7	42,0-46,7	670	1500	10,5	---
99-105	7	46,7-51,6	700	1800	12,6	СК-1
106-112	7	51,6-56,6	720	2000	14,0	---
113-119	7	56,6-61,8	740	2100	14,7	---
120-126	7	61,8-67,1	760	2200	15,4	---
127-133	7	67,1-72,6	780	2400	16,8	---
134-140	7	72,6-78,2	800	2450	17,15	---
141-147	7	78,2-83,9	820	2550	17,85	---
148-154	7	83,9-89,5	800	2600	18,2	---
155-161	7	89,5-94,8	760	2600	18,2	---
162-172	11	94,8-102,8	730	2600	28,6	---
Свинки на стимулиции						
173-183	11	102,8-110,6	710	2500	27,5	---
184-194	11	110,6-118,3	700	2500	27,5	---
195-205	11	118,3-125,8	680	2500	27,5	---
206-216	11	125,8-133,3	680	2500	27,5	---
217-226	10	133,3-140,8	750	2650	26,5	---

Таблица 3.16 – Программа кормления свиней (в расчете на 1 голову)

Возраст, дней	Продолжительность периода, дней	Живая масса, кг	Среднесуточный прирост, г	Потребление корма		Комбикорм
				в сутки, г	за период, кг	
Поросята-сосуны						
5-7	приучение					СК-11
8-10	3	2,0-2,45	150	10	0,03	---
11-15	5	2,45-3,45	200	30	0,15	---
16-20	5	3,45-4,8	270	60	0,30	---
21-26	6	4,8-7,6	460	100	0,60	---
Поросята на дорастивании						
27-35	9	7,6-10,4	310	150	1,35	---
36-39	4	10,4-11,7	320	350	1,4	---
40-44	5	11,7-13,5	350	450	2,25	---
45-49	5	13,5-16,0	500	600	3,0	СК-16
50-54	5	16,0-19,0	590	650	3,25	---
55-59	5	19,0-22,0	600	700	3,5	---
60-64	5	22,0-25,0	610	750	3,75	---
65-72	8	25,0-30,0	620	850	6,8	СК-21
Откорм						
73-79	7	30,0-34,4	630	1100	7,7	---
80-84	5	34,4-37,3	650	1300	6,5	---
85-98	14	37,3-47,0	690	1650	23,1	---
99-105	7	47,0-52,0	720	1800	12,6	СК-26
106-112	7	52,0-57,0	730	1950	13,65	---
113-119	7	57,0-62,3	750	2100	14,7	---
120-126	7	62,3-67,7	770	2200	15,4	---
127-144	18	67,7-81,9	790	2300	41,4	СК-31
145-162	18	81,9-96,3	800	2600	46,8	---
163-181	19	96,3-112,0	820	2800	53,2	---

Таблица 3.17 – Расчет кормового баланса или годовой потребности в кормах

№ п/п	Группа животных	Среднегодовое поголовье	Потребность в кормах на голову		Требуется на все поголовье в сутки, ц	Требуется на все поголовье в год, т	Вид комбикормов
			в сутки, кг	в год, ц			
1.	Матки подсосные	556	5,3	19,35	29,47	1075,7	СК-1
2.	Матки супоросные	2028	3,5	12,78	70,98	2590,8	СК-1
3.	Матки холостые	983	3,5	12,78	34,41	1255,8	СК-1
4.	Поросята на доращивании	7938	0,6	2,19	47,63	1738,5	СК-11-16-21
5.	Свиньи на откорме	18144	2,16	7,88	391,9	14304,4	СК-21-26-31
6.	Рем. молодняк на доращивании	134	0,6	2,19	0,80	29,2	СК-11-26-21
7.	Рем. молодняк на выращивании	291	2,08	7,59	6,05	220,8	СК-21-1
8.	Рем. молодняк на стимуляции	158	2,5	9,13	3,95	144,2	СК-1
9.	Хряки	28	3,5	12,78	0,98	35,8	СК-1
Всего		30260	-	-	586,17	21395,2	-

4. ОРГАНИЗАЦИЯ ТЕХНОЛОГИЧЕСКИХ ПРОЦЕССОВ

Все технологические операции изложены в технологических картах-заданиях посуточно или согласно технологическому циклу и ритму. Повсеместно проводятся операции по постановке, переводу и передаче или реализации животных.

Кормление свиней должно быть систематизированным, точным и проводиться в определенное время согласно зоотехническим нормам.

Следует придерживаться следующего режима кормления стада: для всех половозрастных групп животных двукратное нормированное сухое кормление (кроме случаев, описанных ниже) со свободным доступом к воде.

4.1. Поение

Свиньи потребляют много воды (2,5 литра на каждый кг сухого корма). Повышенная потребность в воде возникает у свиноматок во время охоты (дополнительно 2 л питьевой воды в день).

Таблица 4.1 – Потребность в питьевой воде свиней

Группа животных	Суточное потребление питьевой воды, л
Поросята-сосуны	1-2
Поросята-отъемыши	1-5
Откормочный молодняк	5-10
Супоросные свиноматки	12-20
Лактирующие свиноматки	23-35
Хряки	8-10

Слишком низкое расположение сосковых поилок приводит к потерям питьевой воды. Сосковые поилки устанавливают: для поросят-сосунов – на высоте 15 см, для поросят-отъемышей – 30-40 см, ремонтного молодняка и откорма – 60 см, для маток – 75 см, хряков – 80 см. Перерыв в подаче воды для поения – не более 4 часов.

4.2. Подготовка и проведение опороса

Подготовка свиноматок к опоросу начинается за 10-14 дней до предполагаемой даты родов. Для этого один раз в 2-3 дня производится осмотр глубокосупоросных маток и выполняется сверка их номеров с зоотехническими записями, по которым устанавливается срок супоросности. Маток, у которых согласно записям прошло более 100 дней с даты последнего осеменения, помечают и выполняют с ними комплекс операций по подготовке к опоросу. В комплекс входят пять основных мероприятий:

1. Чистка, мойка и дезинфекция свиноматок;
2. Перевод свиноматок в индивидуальный станок;
3. Организация индивидуального ухода за свиноматками;
4. Обеспечение беспрепятственного поения свиноматок чистой водой.

С момента перевода матки в родильное отделение за ней устанавливается индивидуальный уход.

Он заключается:

- в ежедневном осмотре свиноматок (выявляются ослабленные, слабо подвижные животные, с признаками запора или поноса);

- в чистке станка матки дважды в день.

Маток переводят на кормление 3 раза в день при постепенном уменьшении суточной нормы кормовой дачи на 20 %. Консистенцию рациона изменяют на жидкую кормовую мешанку при соотношении сухого корма и воды не менее 1:3.

На второй-третий день после родов следует обеспечить взрослое животное однородным жидким кормом. В этот период питательные вещества кормов используются исключительно на поддержание жизни животного, а молозиво вырабатывается в основном за счет резервов тела.

На третий день подсоса жидкое кормление прекращают и переходят на кормление густыми влажными мешанками при соотношении сухого корма и воды 1:0,8.

У подсосных свиноматок еще на 4-5 день сохраняется ограничение по уровню потребления кормов. Это вызвано тем, что поросята в первые пять дней жизни еще не справляются с потреблением густого молозива в больших количествах. Неполное его высасывание часто становится причиной развития маститов у маток.

Опыт кормления свиноматок показывает, что частая смена кормов в рационах, изменения в их структуре влияют на состав молока, что отрицательно сказывается на здоровье приплода, провоцирует расстройства пищеварения, понижает рост молодняка.

4.3. Уход за поросятами-сосунами. Удаление хвостов, зубов, кастрация

Все эти операции производятся у поросят в подсосный период. Контроль за правильным ростом зубов проводится с момента их прорезания, т. е. с 3-6-го дня после рождения.

Удаление хвостов следует проводить в 3-4-дневном возрасте. Эту операцию проводят в том случае, если в хозяйстве нет возможности организовать правильное содержание и кормление молодняка свиней после отъема поросят. Особенно важно удаление хвостов, если животных содержат в сыром, тесном помещении с плохим освещением, большими группами (более 40-50 голов), не выпускают на прогулку или на пастбище.

С профилактической целью рекомендуется удалять хвосты у всех поросят в 3-дневном возрасте, когда производится осмотр. Откусывание зубов и хвостов производится одним инструментом, т. е. щипцами или кусачками. Хвост отрезается на расстоянии 1,5 см от тела (кожу не натягивать или натягивать в сторону таза). Обрубки хвоста необходимо дезинфицировать хорошим антисептиком – 5%-ной настойкой йода, а инструмент дезинфицировать после каждого обрезания хвоста у очередного поросенка.

Кастрацию хрячков следует проводить в возрасте 20-30 дней, пока животные получают молоко свиноматки.

4.3.1. Содержание поросят-сосунов

Через каждые десять дней температуру в помещении, где содержат маток с поросятами, снижают на 1-2 °С.

Таблица 4.2 – Процентное соотношение причин отхода молодняка свиней

Причина гибели	Погибло поросят, в % от	
	родившихся	всех погибших
Задушено свиноматкой	14,8	44
Рождено мертвыми	4,9	14
Рождено слабыми	1,3	4
Респираторные заболевания	2,7	8
Голод	1,8	5
Поедание свиноматкой	1,4	4
Понос	0,3	1
Другие заболевания	0,5	1
Другие причины	6,1	18
Всего	33,8	99

4.4. Кормление и содержание поросят на дорастивании и откорме

К 3-4 недели жизни молодняка заканчивается физиологическая адаптация поросят к постэмбриональным условиям существования. У поросят в это время появляется в желудке достаточное количество соляной кислоты, и они требуют более интенсивного наполнения желудочно-кишечного тракта кормом, а молочность свиноматок начинает существенно и очень резко падать. Это означает, что главным источником питательных веществ для поросят становится комбикорм. Следовательно, характер кормления их в этот период должен становиться

разнообразным и максимально сбалансированным по всем питательным веществам.

Поросят-отъемышей и откормочный молодняк содержат безвыгульно. Выгульная система содержания обязательна для хряков, холостых и супоросных свиноматок, ремонтного молодняка.

4.5. Технология постановки свиней на убой

Животных, предназначенных к отправке на убой, осматривает ветеринарный врач или фельдшер. После ветеринарного осмотра свиней нумеруют (бирками) и взвешивают. При сдаче свинины по ее убойному выходу последнее кормление производится с таким расчетом, чтобы перед отправкой на мясокомбинат животные содержались без корма минимально 5, оптимально 12 ч, включая время на погрузку и перевозку.

Оптимальная плотность размещения свиней в автотранспорте 0,5 м² на 100 кг живой массы (группами до 20 голов в одной отгороженной секции). Желательно индивидуальное размещение в специальных фиксаторах. Не допускается смешивания мелких и крупных, слабых и хорошо развитых животных, а также поголовья из разных станков. Скорость движения автомашин – не более 40-50 км/ч, без резких толчков.

Результаты определения категорий упитанности и взвешивания свиней оформляются актом, который составляется в трех экземплярах. Первый передают в бухгалтерию мясокомбината, второй – автобазе (в случае доставки свиней центровывозом), третий – представителю хозяйства.

4.6. Отбор и выращивание ремонтного молодняка

Ремонтных свинок отбирают из приплода маток ведущей группы (30-35 % лучших маток), отличающихся высоким многоплодием (10 и более поросят) и молочностью (48 кг и более), крупноплодностью (1 кг и более) и выравненностью гнезда при рождении и отъеме. При этом учитываются цели и задачи селекционной работы со стадом, схемы подбора родительских пар.

Поросята, которые будут отбираться на племя, должны быть индивидуально пронумерованы с помощью татуировки. Первый раз поросенка метят на 1-2-й день жизни, когда на левом ухе ставят гнездовой номер. В возрасте 1 мес. на правом ухе ставят индивидуальный номер. Под этим номером животное записывают во всех формах зоотехнического учета.

Первый отбор производится при отъеме поросят от свиноматок с учетом показателей продуктивности родителей, общего развития, крепости конституции, гармоничности телосложения, количества и расположения сосков (12 и более), состояния здоровья.

Второй раз молодняк отбирают при переводе в старшую группу в 1,5-месячном возрасте. На этой фазе животных выбраковывают по болезни, отставанию в росте и развитии, проявлению пороков конечностей.

Третий этап – выбраковка молодняка в процессе выращивания.

Четвертый этап отбора производится по достижении молодняком живой массы 100 кг, при этом учитывают те же показатели, что и на первых фазах отбора, а так же возраст достижения живой массы 100 кг и прижизненную толщину хребтового шпика. Толщину шпика измеряют ультразвуковым аппаратом. После оценки каждому животному присваивают класс согласно «Инструкции по бонитировке свиней». Для саморемонта основного стада свиноматок оставляют свинок, отвечающих требованиям элиты и первого класса.

Пятый – проводится перед осеменением. Основная причина браковки животных на этом этапе селекции – отсутствие охоты, а также учитывается живая масса и длина туловища. Оптимальный возраст для осеменения ремонтных свинок – 8-9 месяцев, при живой массе не менее 130 кг.

Шестой этап отбора необходимо проводить на момент установления супоросности у проверяемых свиноматок. Неоплодотворенных маток бракуют из-за прохолоста.

Заключительный этап отбора проводят после опороса проверяемой свиноматки по многоплодию. Выравненности помета, молочности, отъемной массе гнезда поросят, сохранности поросят и материнским качествам.

Ремонтных свинок выращивают в отдельном помещении с регулируемым микроклиматом и системой раздачи кормов, позволяющей скармливать многокомпонентные рационы. Свинок за весь период выращивания, до отбора на случку, содержат в групповых станках (по 40-20 гол.) технологическими группами и не смешивают со свиньями из других станков.

При выращивании, ремонтные свинки должны пользоваться активным моционом. На выгульные дворики ремонтный молодняк выгоняют через день: летом на 4-5 ч, зимой – на 2-3 ч. С ранней весны до наступления холодов ремонтный молодняк целесообразно содержать в летних лагерях.

4.7. Параметры микроклимата

4.7.1. Нормы площади станков

Длина станков должна быть в два раза больше ширины. Полы должны быть частично щелевыми (1/3 от общей площади пола). Высота ограждения станков должна быть не менее: для хряков – 1,4 м, поросят-сосунов – 0,6 м, поросят-отъемышей – 0,8 м, остального поголовья – 1,0 м.

Нормы площади станков на 1 голову, м²:

хряки – групповые станки – 2,5;

индивидуальные – 7,0;

холостые и супоросные матки – групповые станки – 1,5;

подсосные матки – индивидуальные станки – 7,5;

поросята-отъемыши – 0,85;

ремонтный молодняк – 0,8;

откормочный молодняк – 0,8.

Фронт кормления (см), не менее:

хряки и матки – 45;

откормочный и ремонтный молодняк – 30;

поросята-отъемыши – 20.

4.7.2. Температура

Таблица 4.3 – Температура в помещении

Помещение	t° (С°)	Комментарии
1	2	3
Цех осеменения	17-20 °	Отдельный станок, бетонный пол
Супоросные свиноматки, основные и проверяемые	17-20 °	Свиноматки расположены группами, бетонные полы
Опорос свиноматок	15-20 °	При более высокой температуре свиноматка не будет есть столько корма, сколько нужно для производства большого количества молока
Поросята сразу после опороса	30-33 °	Территория отдыха отдельно от свиноматки. Обогрев можно проводить с помощью лампы и/или с помощью навеса

Продолжение таблицы 4.3

1	2	3
До 10 кг	24-28 °	На месте отдыха. Если имеется навес, температура помещения может превышать 15 °. Температура в помещении может снижаться на 1 градус в неделю. Таким образом, при 10 кг она может достигать 24 °.
10-20 кг	18-24 °	На месте отдыха. Если имеется навес, в помещении допускается температура 15 °. Температура в помещении может снижаться на 1 градус в неделю и, таким образом, при 20 кг она может достигать 18 °.
20-40 кг	15-20 °	Слишком низкая температура повлияет на увеличение конверсии кормов и может стать причиной повышенной заболеваемости.
40-70 кг	15-20 °	
70-120 кг	15-20 °	

Относительная влажность не должна превышать 75 % для маленьких поросят и 80 % для больших и для свиноматок.

4.7.3. Вентиляция

Таблица 4.4 – Параметры аспирации

Помещение	м ³ в час		Комментарии
	мин.	макс.	
Цех осеменения	20	100	Пониженная вентиляция увеличивает риск отравления ядовитыми газами. Слишком большая скорость воздуха повышает риск возникновения сквозняка, который может стать причиной респираторных заболеваний.
Супоросные свиноматки молодые свиноматки	20	100	
Опорос	50	200	Скорость воздуха не должна превышать 0,3 м/сек. в холодное время года и 0,8 м/сек. в теплое время.
Поросята 10-20 кг	3	30	
20-40 кг	6	50	
40-70 кг	15	100	
70-120 кг	15	125	

4.7.4. Микроклимат

На развитии животных сказывается микроклимат в помещениях. Поэтому особое значение имеют температура, влажность, химический состав воздуха, наличие в нем пыли и микробов, световые и ультрафиолетовые лучи. Переохлаждение организма в сочетании с сыростью в помещении, загазованность и запыленность воздуха – основные причины снижения сопротивляемости организма к различным заболеваниям, снижения продуктивности животных.

Таблица 4.5 – Оптимальные параметры микроклимата для свиней

Показатели	Группы животных				
	Хряки, холостые и супоросные матки	Подсосные матки с поросятами	Поросята	Молодняк на откорме с живой массой, кг	
				38-70	71-120
1	2	3	4	5	6
Температура воздуха, °С	16	20	20	18	16
Относительная влажность, %	60	60	60	60	60
Концентрация газов:					
углекислота, %	0,2	0,15	0,15	0,15	0,2
аммиак, мг/м ³	15	10	10	10	15
сероводород, мг/м ³	10	5	5	5	10
Воздухообмен, м³/гол.:					
зима	70	100	10	45	45
весенне-летний период	90	150	20	65	65
лето	120	200	50	120	120
Освещение:					
естественное	1:10	1:10	1:10	1:20	1:20
искусственное, лк	100	100	80	60	30
Продолжительность освещения в сутки, ч	14-18	14-18	14-18	8-16	8-10

Продолжение таблицы 4.5

1	2	3	4	5	6
Содержание пыли, м ³	не более 6				
Уровень шума, дБ	не более 85				
Микробная загрязненность воздуха, тыс./м ³	50-60	40-50	40-50	60-80	60-80

5. ПРИМЕРНЫЕ ВЕТЕРИНАРНО-САНИТАРНЫЕ МЕРОПРИЯТИЯ

5.1. Общие положения

Свинокомплекс находится на режиме предприятий закрытого типа, под постоянным ветеринарным наблюдением. Посещение комплекса посторонними лицами, а также въезд транспорта на его территорию возможны с разрешения ветврача хозяйства.

Проход на территорию комплекса должен осуществляться только через постоянно действующий дезбарьер.

Внутри каждого помещения при входе должны быть специальные дезковрики для дезинфекции обуви.

Работники комплекса должны регулярно проходить медицинское обследование. Лица, больные туберкулезом, бруцеллезом и другими болезнями, к работе не допускаются.

Зооветспециалисты обязаны постоянно следить за ветеринарно-санитарным состоянием производственных помещений и окружающей их территорией, не реже одного раза в месяц проводить на комплексе санитарный день, систематически проводить необходимые меры борьбы с грызунами и насекомыми.

Категорически запрещается отправка и прием свиноголовья без ветеринарного свидетельства, подтверждающего законность перемещения свиней.

Все поголовье должно подвергаться профилактическим прививкам и исследованиям. Ежегодно должен проводиться клинический осмотр поголовья животных, а результаты осмотра записываться в соответствующих журналах. На комплексе необходимо вести зоотехнический учет заболеваемости рождающегося молодняка. Осуществлять постоянный контроль за своевременным удалением навоза с территории.

Периодически проводить профилактическую обработку копыт и скалывания клыков у хряков и маток.

Все поголовье животных должно находиться под постоянным ветеринарным надзором. Его необходимо регулярно тщательно клинически осматривать, чтобы не допустить заболеваний инфекционным атрофическим ринитом, вирусной пневмонией, вирусным гастроэнтеритом и другими болезнями.

Свиноматок и хряков следует подвергать обязательному исследованию на бруцеллез, туберкулез, лептоспироз и сальмонеллез в соответствии с действующими инструкциями по борьбе с этими болезнями.

Свиноматок, хряков и поросят нужно подвергать плановым исследованиям на наличие гельминтов. При установлении гельминтозов, в зависимости от вида паразита, проводить соответствующую дегельминтизацию в комплексе с другими оздоровительными мероприятиями.

Племенной молодняк перед отправкой в другие хозяйства необходимо подвергать тщательному клиническому осмотру, термометрии, вакцинации против чумы и рожи, обязательному исследованию на бруцеллез, лептоспироз, сальмонеллез.

Хряков, предназначенных для откорма, нужно кастрировать на 21 день рождения, т. е. день взвешивания помета для определения молочности свиноматок.

Предназначенный для передачи на откорм молодняк подвергать активной иммунизации против чумы, рожи свиней, других болезней в зависимости от эпизоотической обстановки. Молодняк передавать на откорм не ранее, чем через 10 дней после последней прививки.

Ответственность за организацию всей работы возлагается на главного ветеринарного врача комплекса.

Продажу поросят проводить за территорией комплекса, с указанием в квитанции ушного номера, массы поросенка. Нежизнеспособный рождающийся молодняк (имеющий живую массу 700 г и менее и др. причины) подлежит уничтожению.

Предусматривается проведение комплекса ветеринарно-санитарных мероприятий, направленных на предупреждение проникновения и возникновения инфекционных, инвазионных и др. заболеваний:

- ограждение территории забором и полосой зелёных насаждений и разделение ограждениями внутри территории цехов и хозяйственных секторов;

- рампы для ввоза и вывоза животных;

- карантин для поступающего ремонтного молодняка;

- санпропускник для персонала, прачечная для спецодежды;
- автомашины и фургоны для транспортировки животных на территории комплекса, закрытая автомашина и контейнеры для транспортировки больных животных, дезинфекционные машины;
- устройство дезбарьеров у входов и выходов в свинарники и въездов в цеха;
- плановая дератизация и дезинфекция;
- предпусковая дезинфекция всех производственных помещений;
- очистка зданий горячей водой до 80 °С (под давлением 25 атм.);
- эксплуатация помещений, кроме зданий холостых и супоросных свиноматок, производится по принципу «пусто - занято», где не соблюдается этот принцип – производится влажная дезинфекция.

Наличие во всех производственных зданиях для содержания животных свободных изолированных секций даёт возможность систематически проводить уборку и дезинфицировать освободившиеся секции свинарника, не нарушая работы в целом.

Подземная транспортировка навоза за пределы комплекса обеспечивает чистоту территории.

5.2. Контроль качества подготовки помещений и обеспечение дезинфицирующими материалами

После перевода поросят на откорм изолированные помещения для их содержания тщательно очищают и дезинфицируют. Утром, сразу после вывода животных, моют стены, чистят полы, станочное и другое оборудование, навозные решетки, транспортеры. В начале следующего дня производится дезинфекция всех поверхностей 4%-ным раствором каустической соды, а через час после этого – мойка водой под давлением. На ночь помещение и оборудование дезинфицируют 7-10%-ным раствором формалина. Затем помещение остается свободным для просушки, ремонта и малярно-восстановительных работ до заполнения следующей партией животных, но не менее двух дней.

Профилактическая дезинфекция проводится с целью уничтожения условно патогенных микробов или патогенных возбудителей, выделяемых невыявленными животными-бактерионосителями.

Для влажной профилактической и вынужденной дезинфекции наиболее часто используют 2-4%-ный раствор формальдегида, 2-10%-ный раствор едкого натра, 3-5%-ный раствор креолина, 4-5%-ный осветленный раствор хлорной извести.

Приготовление растворов и дезинфекцию проводят с соблюдением мер предосторожности: обязательно надевают резиновые сапоги, рука-

вицы, халат, фартук, очки, головной убор, а при необходимости - противогаз или респиратор.

Дезинфицирующие растворы должны иметь температуру 70-80 ° (за исключением формалина и хлорной извести). Расходуют их из расчета 1 л на 1 м².

После окончания обеззараживания помещение проветривают, кормушки промывают горячей водой, при наличии на полу остатков раствора их также смывают.

Перед дезинфекцией помещение тщательно герметизируют, температура в нем должна быть не ниже 15 °, относительная влажность – 60-100 %.

Дератизация – комплекс мер, направленных на уничтожение мышевидных грызунов. С этой целью применяют механические и химические средства, препараты бактерий, а также комбинированные препараты ядов и бактерий. Наиболее широко используют химические средства и комбинированные препараты ядов и бактерий.

Наряду с применением химических и биологических средств борьбы с грызунами весьма важно систематически проводить профилактические мероприятия – лишать их пищи, питья и убежища.

После проведения дезинфекции и дератизации составляют акт. В нем указывают, когда проводилась обработка, ее вид (профилактическая, вынужденная), размеры обработанной площади, что применялось и при каких режимах.

Таблица 5.1 – График противоэпизоотических мероприятий по плем-ферме

Группа животных	Возраст	Наименование мероприятий
1	2	3
Поросята до 2-х месяцев	1 день	Осмотр, удаление клыков.
	3-5 дней	Осмотр, введение ферроглюкина, селенита натрия, кастрация хрячков
	8-10 дней	Витаминизация
	40 дней	Вакцинация против классической чумы свиней
Поросята 2-4 месяца	80 дней	Капрологическое исследование
	85 дней	Дегельминтизация
	95 дней	Ревакцинация против классической чумы свиней
	110 дней	Вакцинация против болезни Ауески и рожи свиней
Свиньи 4-7 месяцев	130 дней	Дегельминтизация

Продолжение таблицы 5.1

1	2	3
Свиноматки	За 30 дней до осеменения	Вакцинация против парвовирусной инфекции и репродуктивно-респираторного синдрома свиней
	За 10-15 дней до осеменения	Вакцинация против классической чумы свиней
Супоросность	20-й день	Вакцинация против лептоспироза
	65-й день	Вакцинация против болезни Ауески и рожи свиней
	75-й день	1-я вакцинация против колибактериоза
	85-й день	2-я вакцинация против колибактериоза
	105-й день	Дегельминтизация
Ремонтные свинки и ремонтные хрячки перед переводом на промышленный комплекс	За 14 дней	Исследование на туберкулёз, бруцеллёз, лептоспироз

Таблица 5.2 – График противоэпизоотических мероприятий по комплексу

Группа животных	Возраст	Наименование мероприятий
1	2	3
Поросята до 2-х месяцев	1 день	Осмотр, удаление клыков
	3-5 дней	Осмотр, введение ферроглокина, селенита натрия, кастрация хрячков
	8-10 дней	Витаминизация
	15 дней	1-я вакцинация тканевым инактивированным препаратом против респираторных инфекций
	25 дней	2-я вакцинация тканевым инактивированным препаратом против респираторных инфекций
	40 дней	Вакцинация против классической чумы свиней
	50 дней	Капрологическое исследование

Продолжение таблицы 5.2

1	2	3
Поросята 2-4 месяца	90 дней	Капрологическое исследование
	100 дней	Дегельминтизация
	95 дней	Ревакцинация против классической чумы свиней
	110 дней	Вакцинация против болезни Ауески и рожи свиней
Ремонтные свинки и ремонтные хрячки со дня перевода в цех воспроизводства	1-3-й день	Осмотр, выбраковка
	5-7-й день	Исследование на туберкулез, бруцеллез, лептоспироз
	10-й день	Вакцинация против классической чумы свиней
	20-й день	Вакцинация против парвовирусной инфекции и репродуктивно-респираторного синдрома свиней
	30-й день	Вакцинация против рожи и болезни Ауески свиней
	40-й день	Вакцинация против лептоспироза
Свиноматки	За 30 дней до осеменения	Вакцинация против парвовирусной инфекции и репродуктивно-респираторного синдрома свиней
	За 10-15 дней до осеменения	Вакцинация против классической чумы свиней
Супоросность	20-й день	Вакцинация против лептоспироза
	65-й день	Вакцинация против б. Ауески и рожи свиней
	75-й день	1-я вакцинация против колибактериоза
	85-й день	2-я вакцинация против колибактериоза
	105-й день	Дегельминтизация
Хряки	1 раз в 6 мес.	Вакцинация против рожи и болезни Ауески свиней
	1 раз в 1 год	Вакцинация против классической чумы свиней
Хряки	1 раз в 1 год	Дегельминтизация. Капрологическое исследование
	1 раз в 6 мес.	Вакцинация против парвовирусной инфекции и репродуктивно-респираторного синдрома свиней

6. ТЕХНОЛОГИЯ ИСКУССТВЕННОГО ОСЕМЕНЕНИЯ

На хрячнике предусматривается содержание высокоценных хряков-производителей, проверенных по наследственным качествам, потомство которых может повысить продуктивность свиней.

Таблица 6.1 – Наличие хряков по породам

Группа животных	Количество животных, гол.			Всего
	крупная белая	ландрас	дюрок	
Хряки основные	6	8	14	28
Хряки-пробники	8	-	-	8
Ремонтные хрячки	3	3	8	14
Всего хряков	17	11	22	50

Все объекты станции искусственного осеменения размещаются на участке в соответствии с запроектированной схемой генерального плана.

Режим полового использования хряков устанавливают в зависимости от возраста, индивидуальных особенностей животных и потребностей станции в сперме.

Молодых хряков предусматривается приучать к садке на чучело с 7-8-месячного возраста, а получать сперму от них для осеменения маток в возрасте 10-11 месяцев при достижении живого веса не менее 150 кг.

От молодых растущих хряков сперму получают 1-2 раза в декаду. От взрослых хряков равномерно в течение года не менее 90 эякулятов, от проверяемых хряков – 45 эякулятов в год.

При необходимости допускается более интенсивное использование взрослых хряков, в этом случае сперму получают раз в два дня с предоставлением отдыха 8-10 дней.

Продолжительность производственной службы хряков предусматривается 4 года при ежегодной выбраковке их 25 % состава.

Подбор пород и линий хряков производится в соответствии с установленным для станции планом селекционно-племенной работы.

Содержание хряков предусматривается станково-выгульное с предоставлением им регулярных прогулок (активный моцион).

Для охраны здоровья производителей, предупреждения распространения заразных болезней, а также повышения оплодотворяющей способности спермы необходимо строго выполнять ветеринарные правила.

Ветеринарные мероприятия на станции искусственного осеменения животных проводят по соответствующим планам, утвержденным начальником станции и главным ветеринарным врачом комплекса.

На станции установлен режим закрытого хозяйства.

При входе и въезде на них должен быть оборудован вето­санпропускник, для дезинфекции обуви оборудуют дезковрики. Транспорт на территории станции должен выезжать через бетонный дезбарьер, который заполняют дезинфицирующими растворами (2%-ный раствор щелочи, 5%-ный раствор хлорной извести или 3-5%-ной эмульсии креолина). Зимой дезбарьер оборудуют специальным устройством для обогрева дезраствора или в него добавляют 10 % поваренной соли.

Всю проводимую на станции ветеринарную работу ежедневно записывают в ветеринарно-санитарный журнал. На заболевших производителей ведут историю болезни.

В соответствии с ветеринарно-санитарными правилами и установленным распорядком дня на станции должен быть составлен календарный план проведения общих санитарных мероприятий.

Один раз в неделю следует проводить ветеринарно-санитарный день, в который осуществляют: тщательный ветеринарный осмотр производителей, обрезку копыт и клыков у хряков, дезинфекцию помещений, инвентаря и предметов ухода. В качестве дезинфицирующих средств применяют 3-4%-ный горячий (80 °С) раствор едкого натрия, 20%-ную взвесь свежегашеной извести или другие дезинфицирующие средства.

Оборудование, используемое для взятия спермы от производителей (станки и др.), тщательно очищают и дезинфицируют 2%-ным раствором едкого натра или 3%-ным раствором перекиси водорода после работы в дни взятия спермы.

Хряка моют раз в неделю. Техник берет сперму в резиновых (виниловых) перчатках независимо от метода ее получения. Перед и после получения эякулята он должен вымыть, а затем протереть руки тампоном, смоченным 70%-ным спиртом.

Не разрешается повторное взятие спермы на одну и ту же вагину.

Для предотвращения микробного загрязнения препуциальной полости у производителя необходимо один раз в декаду промывать ее 3%-ным раствором перекиси водорода или раствором фурациллина 1:5000.

Для контроля за чистотой содержания производителей и ветеринарно-санитарной оценки спермы один раз в квартал исследуют ее и смыв препуция на содержание микробных тел и колититр. Свежая неразбавленная сперма должна иметь колититр не более 1:10, а смыв с препуция – не более 1:100. Использование запрещается, если ее коли-

титр выше 1:10 и она загрязнена патогенными или условно-патогенными микробами и грибами.

Производителей, в неразбавленной сперме которых обнаружено более 5 тыс. условно-патогенных микробов в 1 см³ или выделена синегнойная палочка, повторно обследуют не менее трех раз с интервалом 3-5 дней. Если и при этих исследованиях будет установлена та же микрофлора в тех же, в больших или нескольких меньших (до 30 %) количествах, таких производителей считают бактерионосителями. От таких животных прекращают брать сперму, выясняют причины бактерионосительства и принимают соответствующие меры лечения. При отсутствии лечебного эффекта этих животных выбраковывают.

Среды, применяемые для разбавления спермы, должны быть стерильными. Не реже одного раза в месяц их исследуют на бактериальную загрязненность. Поступившие на станцию новые серии компонентов среды предварительно проверяют на безвредность для спермиев хряков.

Посуду и инструменты, используемые на станциях и пунктах, обеззараживают следующим образом:

1. Приборы для осеменения промывают 2-3%-ным раствором двууглекислой соды. Внутреннюю поверхность флаконов обрабатывают ершом, тщательно удаляя остатки спермы, а канал катетеров моют, прогоняя по нему раствор в объеме 100 мл. Наружную поверхность флаконов, катетеров и пробки моют поролоновой губкой, ополаскивают теплой, а затем дистиллированной водой. Чистые флаконы, предварительно заполнив их дистиллированной водой, пробки к ним и катетеры помещают в стерилизатор и кипятят 10 минут или автоклавируют, затем помещают в термостат для просушивания.

2. Стеклопосуду, бывшую в употреблении, погружают в теплую воду, после этого моют в 2-3%-ном растворе двууглекислой соды. Затем всю посуду промывают проточной, дистиллированной водой и закрывают бумажными колпачками, ставят в сушильный шкаф, отрегулированный на температуру 130-180 °С, нагревают в течение 45 минут. После этого посуду вынимают и ставят на предназначенные для нее места или оставляют в шкафу до утра. Нельзя сразу открывать дверцы сильно нагретого шкафа, так как вследствие резкой смены температуры на посуде могут появиться трещины. Можно стерилизовать также в автоклаве при температуре 105 °С, давлении 1,5-2 атм. в течение 30-45 мин.

3. Халаты, косынки, шапочки, полотенца, марлевые салфетки стерилизуют в автоклаве или утюжат перед началом работы.

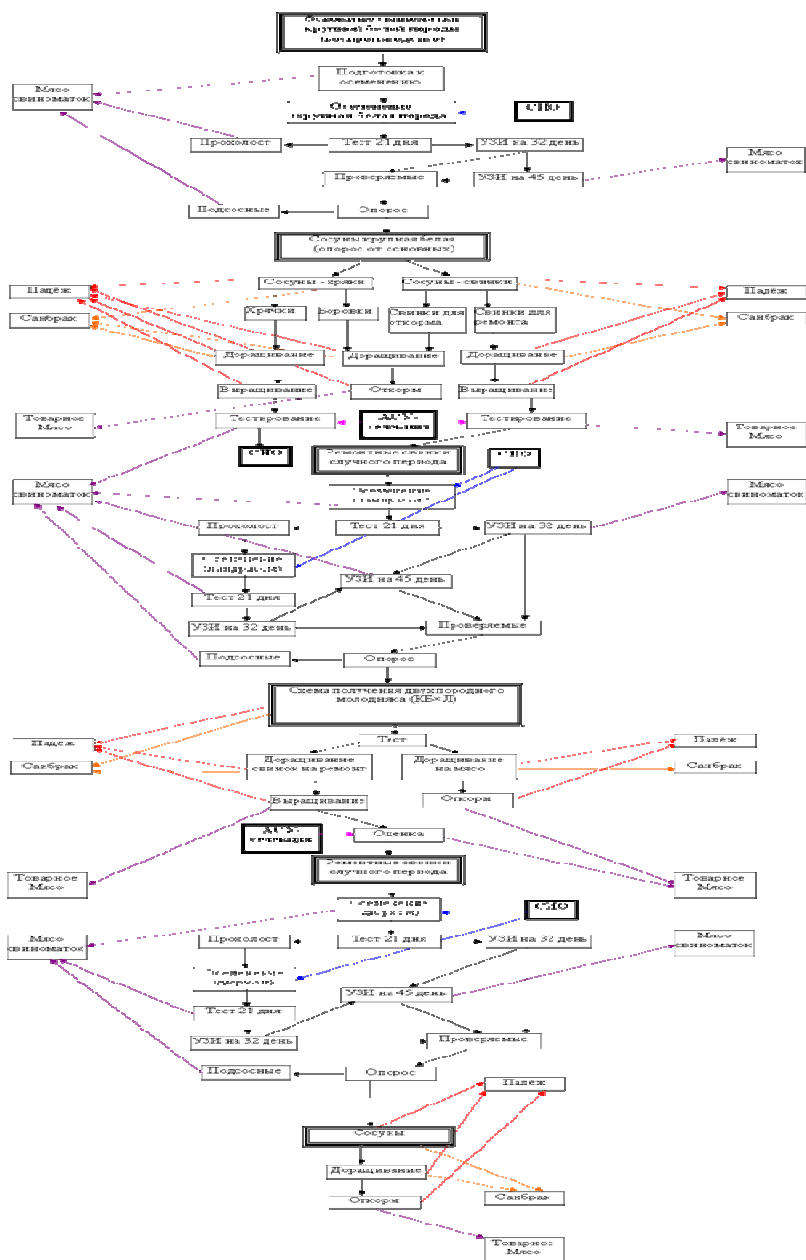


Рисунок 1 – Технологическая схема воспроизводства и племенной работы на свиномкомплексе

На станции по искусственному осеменению свиней заполняют следующие документы:

1. График взятия спермы от хряков.
2. Журнал оценки спермы хряков.
3. Журнал оценки спермиев по выживаемости.
4. Производственную карточку хряков.
5. Акты на выбраковку хряков.
6. Журнал учета случек и осеменений свиней.
7. Племенные и производственные карточки свиноматок.
8. Журнал учета оплодотворяемости маток.
9. Журнал выбраковки и выбытия маток.

Вся зоотехническая документация на СИО ведется операторами по технологической обработке спермы (лаборантами) и зоотехником-селекционером под руководством начальника станции, на пунктах искусственного осеменения - операторами по искусственному осеменению свиней, техником-селекционером под руководством зоотехника-селекционера или начальника участка осеменения.

7. СЕЛЕКЦИОННАЯ ПРОГРАММА

Целью селекционной программы, принятой на свинокомплексе, является разведение чистопородных свиноматок крупной белой породы и на основе использования хряков специализированных мясных пород (ландрас и дюрок), получение двухпородных маток- (F_1), обеспечивающих получение товарного гибридного молодняка (рис. 2-3).

Данная селекционная генетическая программа обеспечивает максимальную реализацию эффекта гетерозиса при скрещивании и гибридизации, получение здорового молодняка и высококачественной мясной свинины.

Согласно технологической программе объекта с 7-дневным циклом необходимо еженедельно осеменять не менее 154 свиноматок (108 основных свиноматок). Еженедельно отнимается в секторе 108 свиноматок, которые поступают в цех воспроизводства (сектор ожидания), приходят в охоту на 3-5 сутки после отъема, а 46 ремонтных свинок переводятся из сектора выращивания ремонтных свинок в возрасте 7,5 мес. (225 дней) живой массой 140 кг (рисунок 2).

Согласно недельной циклограмме ритма и учета потерь от абортос и прохолостов, а также выравнивания гнезд после опоросов и сверх-ранних отъемов, только 70 % маток от первоначально осемененных остаются в секторах репродукции.

Для выполнения технологической программы необходимо в год $154 \times 22,4 = 3450$ свиноматок и для этого потребуется (при 2-кратном осеменении) $[3450 \times 2] \times 2,3 = 15900$ осеменений.

С учетом того, что продолжительность цикла воспроизводства свиноматки составляет (12 дней отдых+32 дня условно-супоросные+78 дней супоросные+7 дней тяжело-супоросные+26 дней подсосные) = 155 дней.

Количество циклов репродукции $365:155 = 2,35$.

Следовательно, структура маточного стада будет следующей:

Таблица 7.1 – Структура маточного стада

Группы свиноматок	Продолжительность цикла, дней	% в стаде	Количество голов
Сектор репродукции (супоросные, тяжело-супоросные и подсосные)	33 (26+7)	21,3	556
Сектор воспроизводства (свиноматки на отдыхе, холостые с устанавливаемой супоросностью)	44(12+32)	28,4	983
Супоросных	76	50,3	1911
Всего	155	100	3450

Таблица 7.2 – Породный состав стада

Группа животных	Количество животных, гол.			Всего
	крупная белая	ландрас	дюрок	
Хряки основные	6	8	14	28
Хряки пробники	8	-	-	8
Ремонтные хрячки	3	3	8	14
Всего хряков	17	11	22	50
Матки основные	500	Помеси КБ×Л 2950	-	3450
Ремонтные свинки	200	1100	-	1300
Всего маток	700	4050		4750

Селекционная программа технологии свиноводческого товарного комплекса должна быть основана на методе оценки племенной ценно-

сти Pig-BLUP и компьютерной программе «АСУ-селекция». В целом технология учета и отчетности, движения поголовья, комплектации, поступления сырья, кормов и материалов, а также реализации продукции должна быть автоматизирована и связана с центральным диспетчерским пунктом управления модемной связью. В данных программах предусмотрены все формы селекционного и зоотехнического учета (от 1 до 14 форм СВ).

7.1. Зоотехнический учет

Зоотехнический учет является основой племенной работы и должен отражать особенности каждого животного. Для этого, прежде всего, все поголовье нумеруется, а взрослым животным присваиваются клички.

Нумерация является важнейшим элементом зоотехнического учета. Учитывая, что одна свинья дает в помете 10-12 поросят и более, нумерацию следует начинать при рождении.

Поросятам белой масти в течение суток татуировочными щипцами с цифрами размером 1×0,5 см на наружной поверхности левого уха ставится гнездовой номер (порядковый номер опороса в течение календарного года) и порядковый номер в гнезде. Татуировка гнездового номера делается в середине уха, а порядкового – в конце. Перед отъемом поросятам на наружной поверхности правого уха ставится заводской инвентарный номер щипцами с размером цифр 2×1 см – свинкам четный, хрячкам – нечетный.

Свиней темной масти обычно метят щипцами. При этом гнездовой и порядковый номер в гнезде не ставятся, а в 2-3-дневном возрасте поросятам ставят сразу инвентарный номер по специальной системе.

Наряду с указанными методами обязательно ставят пластмассовые бирки, на которых нанесены цифры. Для этого у основания уха (примерно посередине) делается дыроколом круглое отверстие и в него вставляется бирка.

Данные о происхождении, развитии, продуктивности и классности животных заносятся в специальные формы.

Основные формы ведения документации: производственная карточка свиноматки, производственная карточка хряка, журнал оценки спермы хряков, журнал осеменения свиней, журнал ежедневного учета оплодотворяемости свиноматок, журнал учета свиноматок второй половины супоросности, журнал приплода, карточка доращивания и откорма молодняка, журнал учета поголовья на доращивании и откорме, анализ выполнения программы производства на свиноводческом комплексе.

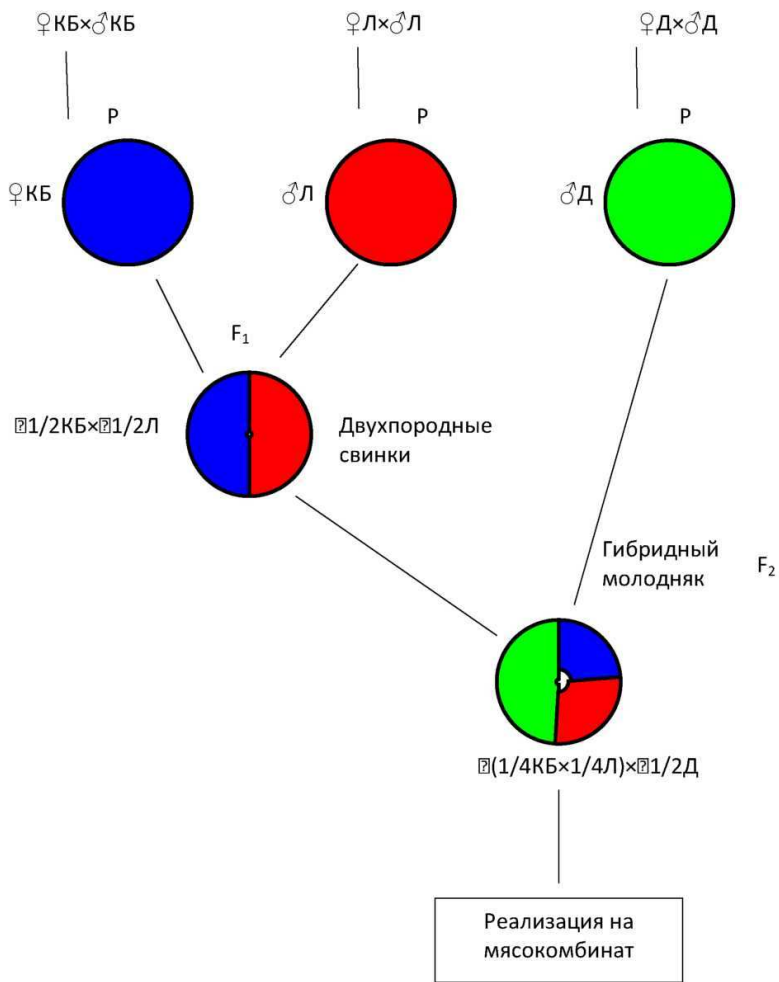


Рисунок 2 – Генетическая формула товарного гибрида



Рисунок 3 – Структурная системы разведения свиней по «принципу пирамиды»

I. Площадка воспроизводства и репродукции **II. Площадка дорашивания** **III. Площадка откорма**

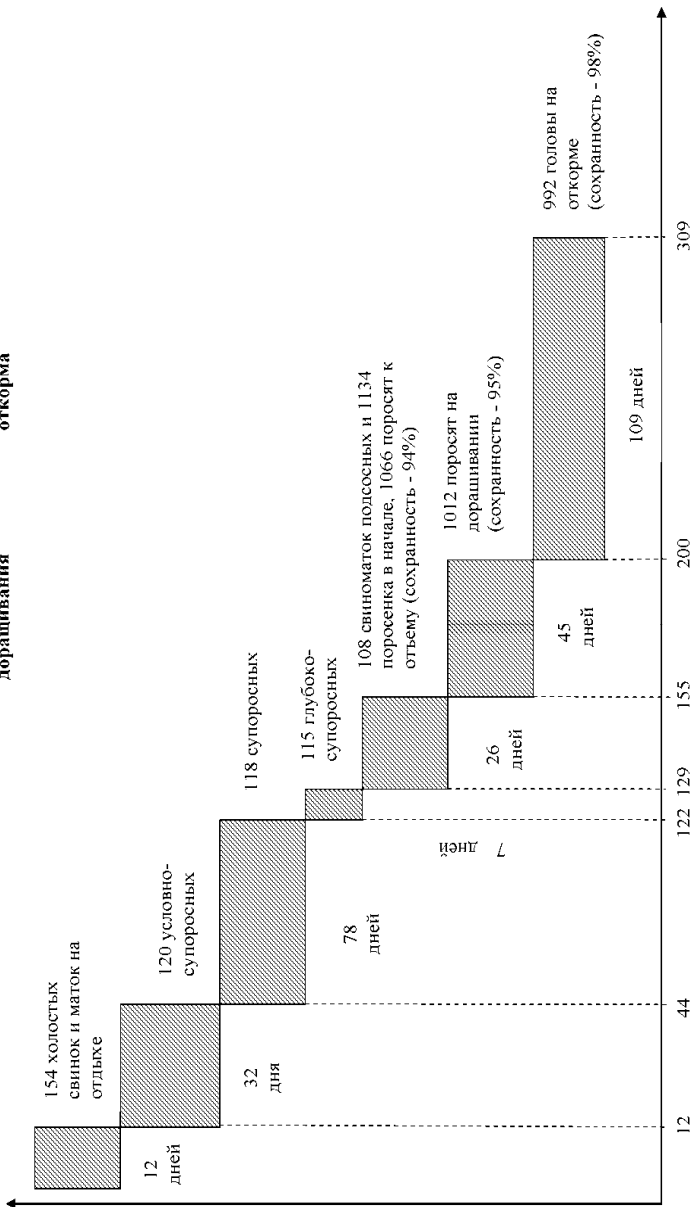


Рисунок 4 – Циклограмма технологического процесса

Технологические группы, гол.