

Однако при применении посевного материала в стационарной фазе целесообразно засеивать более высокую дозу сальмонелл (0,25 млрд/см<sup>3</sup>).

Это, вероятно, связано с тем, что вносится большая доза жизнеспособных клеток.

В дальнейших исследованиях нами были сопоставлены результаты по использованию посевного материала в экспоненциальной фазе и полученного в статических и динамических условиях культивирования.

Из полученных результатов установлено, что агглютинабельность культур, полученных в результате культивирования в аппаратах с перемешиванием существенно выше, чем выращенной в статических условиях. Жизнеспособность культур сальмонелл также существенно выше при условии их культивирования в аппаратах с разным типом перемешивания.

В результате проведенных исследований обоснован выбор оптимального количества и качества посевного материала для глубинного выращивания сальмонелл.

Из-за целого ряда технологических преимуществ лучшим условием получения посевного материала является выращивание в аппарате с перемешиванием в течение 6 – 8 часов, так как культуры находятся в физиологически активном состоянии, наиболее адаптированы к условиям глубинного культивирования, имеют типичную морфологию и высокоагглютинабельны.

---

УДК 636.4.082

Каспирович Д.А., ассистент

## ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ГЕНОВ-МАРКЕРОВ – ПЕРСПЕКТИВНОЕ НАПРАВЛЕНИЕ В СЕЛЕКЦИИ СВИНЕЙ

Скорость селекционного прогресса при разведении сельскохозяйственных животных в настоящее время не превышает 2 %, и с каждым годом становится все труднее не только увеличить ее, но и удержать на достигнутом уровне. Как показывает практика селекционной работы в свиноводстве за последнее десятилетие удалось увеличить среднесуточные приросты животных на откорме всего лишь на 22-50 г, массу задней трети полутуши на 0,3-0,5 кг, площадь «мышечного глазка» на 1,2-2,2 см<sup>2</sup>, толщину шпика снизить только у свиней белорусской мясной породы на 1 мм, а многоплодие маток уве-

личить на 0,6-0,8 поросенка [1].

Долгое время вопрос раннего прогнозирования продуктивных качеств свиней решался проведением корреляционного анализа взаимосвязи продуктивности со всевозможными интерьерными показателями и изучением влияния одного или нескольких факторов на результивный признак с помощью дисперсионного анализа. Однако селекционеры практически не имели надежного маркера в ранней оценки продуктивности животных.

В 1982 году было предложено использовать в селекции молекулярные MAS-маркеры (marker assisted selection). Однако прошло довольно много времени, прежде чем началась реализация этой идеи.

MAS – селекция с помощью маркеров – это 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 [4, 5].

Поэтому маркерная селекция по количественным признакам у сельскохозяйственных животных, большая часть из которых относится к признакам продуктивности, является, с одной стороны, крайне актуальным, разрабатываемым уже многие годы направлением исследований. При этом маркер зависимая селекция имеет ряд преимуществ перед традиционными методами. Она не учитывает изменчивость признаков, обусловленную внешней средой, делает возможным оценку животных в раннем возрасте независимо от пола животных и в конечном итоге повышает эффективность селекционной работы [2, 3].

Уже сегодня наука может предложить гены-маркеры, которые исследованы в популяциях свиней пород белорусской селекции и могут быть успешно использованы в селекционных программах свиноводческой отрасли Республики Беларусь: рианоидиновый рецептор (RYR1) – ген-кандидат чувствительности свиней к стрессам; эстрогеновый рецептор (ESR), ген пролактинового рецептора (PRLR) и FSHB-ген (фолликулостимулирующий гормон) – обуславливают плодовитость свиней; ген белка, связывающего жирные кислоты (H-FABP) – ген-кандидат содержания внутримышечного жира у свиней; рецептор *E. coli* (ECR F18/FUT1) – маркер чувствительности свиней к колибактериозу; связанный белок жирных кислот (H-FABP) – маркер содержания внутримышечного жира; меланокортин-рецептор 4 (MC4R),

гипофизарный фактор транскрипции (POU1F1); ген инсулиноподобного фактора роста 2 (IGF-2) – ассоциируют с откормачными и мясными качествами свиней и др.

Несмотря на большое разнообразие выявленных генов, контролирующих тот или иной признак, в свиноводстве не прекращаются поиски новых альтернативных генов-маркеров продуктивных качеств. К ним можно отнести ген MUC4, обуславливающий предрасположенность свиней к колибактериозу и, соответственно, влияющий на такой важный показатель, как сохранность молодняка; эритропоэтиновый рецептор (EPOR), влияющий на многоплодие свиноматок.

Нами был проведен научно-производственный опыт в условиях селекционно-гибридного центра «Заднепровский» Оршанского района Витебской области на популяциях свиней пород белорусской селекции: белорусская крупная белая (по гену MUC4) и белорусская мясная (по гену EPOR). У опытных животных пробы генетического материала отбирали с помощью щипцов для мечения с ушной раковины, из которых в лаборатории молекулярной генетики (ВИЖ, Россия) были выделены и оптимизированы тест-системы для анализа полиморфизма, предложенных генов методом ПЦР-ПДРФ - анализа.

В гене MUC4 был выявлен полиморфизм, причиной которого является точковая мутация C@G. Поросята, имеющие генотип GG и CG, являются восприимчивыми к колибактериозу, CC – устойчивыми.

Анализ результатов генетических тестов позволил выявить структуру различных генотипов по данному гену: CC – от 68,2 % у хряков до 29,5 % у свиноматок; CG – 31,8 % и 70,5 %, соответственно. Гомогенных животных с нежелательным генотипом GG выявлено не было. Частота встречаемости мутантного аллеля G у подопытных животных относительно невысока: 16-28 %.

В ходе исследований было установлено, что матки с генотипом CC достоверно ( $P < 0,05$ ) превосходили маток с генотипом CG по количеству поросят к 21 дню и к отъему на 0,5 гол. и, соответственно, по сохранности поросят – на 5,2 % ( $P < 0,01$ ).

Также было выявлено повышение сохранности поросят к отъему при спаривании маток и хряков-производителей с генотипами CC по сравнению с животными, имеющими генотипы CG – на 7 %. Разница между данными сочетаниями по количеству поросят к 21 дню и к отъему была достоверной ( $P < 0,05$ ) и составила 0,8 гол. У сочетаний генотипов CG x CC и CC x CG также отмечается тенденция к повышению сохранности поросят к отъему в сравнении с сочетанием CG x CG на 2,6-3,8 %, соответственно.

В гене EPOR выявлен полиморфизм, причиной которого является точковая мутация C@T в интроне 4. Свиноматки с генотипом TT отличаются большим размером гнезда при рождении по сравнению

со свиноматками, имеющими генотипы СТ и СС.

По локусу гена EPOR в исследованной группе выявлены животные, имеющие три генотипа: ТТ, СТ и СС: ТТ – 29,6 % у хряков, 21,9 % у свиноматок; СТ – 44,5 % у хряков и 56,9 % у свиноматок; СС – 25,9-15,2, соответственно. Так же была выявлена высокая частота встречаемости мутантного аллеля С – 0,44-0,48.

Исследование влияния генотипа по гену EPOR на многоплодие свиноматок белорусской мясной породы в условиях данного СГЦ показало, что свиноматки с предпочтительным генотипом (ТТ) достоверно ( $P < 0,01$ ) превосходили свиноматок с нежелательным генотипом (СС) по количеству родившихся поросят на 1,6 гол. По количеству живых поросят при рождении свиноматки с генотипами ТТ и СТ достоверно ( $P < 0,01$ ,  $P < 0,05$ ) превосходили свиноматок с генотипом СС на 1,7 и 1,1 гол., соответственно. По проценту мертворожденных поросят и крупноплодности достоверных различий между различными генотипами выявлено не было. Кроме этого свиноматки с генотипом ТТ отличались более высокой ( $P < 0,01$ ) массой гнезда при рождении по сравнению с генотипом СС – на 2,4 кг.

Исходя из вышеизложенного, предложенные гены являются альтернативными маркерами в повышении многоплодия свиноматок (ген EPOR) и сохранности поросят к отъему (ген MUC4).

### Литература

1. 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; РУП «Научно-практический центр НАН Беларуси по животноводству». – Жодино, 2008. – 44 с.
2. Калашникова, Л. А. Проблемы использования методов анализа ДНК в генетической экспертизе племенных животных / Л. А. Калашникова // Материалы Международной конференции. – ВИЖ, Дубровицы, 2002. – С. 46-51.
3. Кузнецова, О. В. Некоторые аспекты использования ДНК-технологий в разведении животных / О. В. Кузнецова, М. Ю. Гладких // Известия Тимирязевской сельскохозяйственной академии. – 2007. – №1. – С. 79-85.
4. Степанов, В. Регрессионный анализ прогнозирования хозяйственно полезных качеств свиней / В. Степанов, В. Федоров, А. Тариченко // Свиноводство. – 2001. – №6. – С. 7-8.
5. Хейн Ван Дер Стин. Генетика – кому она нужна? / Хейн Ван Дер Стин // Свиноводство. – 1998. – №3. – С. 28-29.