

УДК 636.4:636.082:575.827

Костенко С.О., кандидат біологічних наук
Національний університет біоресурсів і природокористування України**ВИКОРИСТАННЯ ГЕНЕТИЧНИХ МАРКЕРІВ ПРОДУКТИВНОСТІ
СІЛЬСЬКОГОСПОДАРСЬКИХ ТВАРИН ДЛЯ ПІДВИЩЕННЯ
КОНКУРЕНТОСПРОМОЖНОСТІ ХАРЧОВОЇ СИРОВИНИ**

Узагальнено основні підходи до використання генетичних маркерів продуктивності сільськогосподарських тварин для підвищення конкурентоспроможності харчової сировини. З метою підвищення ефективності тваринництва доцільно використовувати маркерну селекцію, засновану на визначенні генотипів плідників за генами господарсько-корисних ознак, пов'язаних із здоров'ям тварин (гени стійкості до інфекційних захворювань, гени спадкових захворювань), плідністю (гени рецепторів естрогену та пролактину, гени багатоплідності), гени якості сировини (гени сиропридатності молока, біохімічного складу м'яса). Результати цитогенетичного аналізу дозволяють прогнозувати плідність тварин та дають можливість визначити наявність генотоксичного впливу.

Ключові слова: генетичні маркери, продуктивність сільськогосподарських тварин, репродуктивні якості, свиня свійська, велика рогата худоба

На сьогодні в зв'язку з необхідністю підвищення конкурентоспроможності харчової сировини, особливого значення набувають методи підвищення рентабельності виробництва продукції тваринництва. Цього можна досягти завдяки підбору тваринності бажаних генотипів, використовуючи маркерну селекцію.

Під генетичним маркером ми розуміємо будь-який біологічний носій інформації, що дає можливість відрізнити один індивідуум (або клітину, вірус) від іншого на основі поліморфної системи. Оскільки передача і реалізація спадкової інформації є фундаментальним базисом біологічного різноманіття, генетичні маркери можна класифікувати за рівнем генетичної структури (ДНК-, РНК-, цитогенетичні та білкові маркери).

Історично першими з молекулярно-генетичних маркерів, яких використовують у селекції та розведенні тварин, є імуногенетичні маркери та поліморфні білки. Поліморфізм білків (крові, молока, м'язів, сперми, ферментів, тощо) зумовлений неоднаковою будовою ферменту або білка у особин, яка визначається. До цього часу їх використовують для визначення походження тварин. Обмеження використання цих методів пов'язані з тим, що можна вивчати лише наявність генів, що експресуються та їх кодуючих ділянок. Таким чином, уся некодуюча інформація (95% ДНК), регуляторні, інтронні ділянки генів залишаються поза увагою дослідника.

Сучасний генетичний аналіз досліджень тварин здійснюється не від ознаки до гену, а навпаки – від нуклеотидних послідовностей до ознак (так звана „зворотна генетика”). Мета цього аналізу полягає в тому, щоб найбільш повно картувати гени та локуси, пов'язані з генами господарських цінних ознак.

В зв'язку з цим метою даної роботи був аналіз генетичних маркерів, яких доцільно використовувати для підвищення якості продукції тваринництва.

Матеріали і методи досліджень. При написанні статті використані дані власних опублікованих раніше експериментальних робіт і результати генетичних досліджень інших науковців. Статистичний аналіз результатів цитогенетичного та

молекулярно-генетичного аналізу здійснювався за допомогою стандартних статистичних програм.

Результати досліджень та їх обговорення. Дослідження тварин за генами кількісних ознак (Quantitative Trait Locus (or Loci) дає можливість передбачати господарсько-цінні ознаки у тварин, на рівні ДНК, а саме алельних варіантів генів, у ранньому віці, і, навіть, ще до народження тварини. Метод вивчення кандидатських генів (генів-кандидатів господарсько-корисних ознак) був запропонований генетиками Ротшильдом і Соллером у 1997 році (Rothschild and Soller, 1997), як процедура ідентифікації генів з важливим фенотиповим проявом і можливого їх використання у програмах генетичного покращення. Поряд з традиційним методом відбору тварин, селекція за генотипом, дозволяє швидко вводити в популяцію тварин бажаного генотипу з метою підвищення плодовитості, продуктивності, стійкості до захворювань і як наслідок, підвищувати ефективність виробництва продукції тваринництва [2-6].

В таблиці 1 розміщені дані про деякі гени, поліморфізм яких асоційований з господарські корисними ознаками свиней [3].

Таблиця 1. Вплив генотипів на господарсько корисні ознаки *S. scrofa* [3].

Ген, локалізація	Алелі	Бажаний генотип	Вплив бажаного генотипу
Пролактин-рецептор (<i>PRLR</i>), <i>SSC</i> 16 (q2.2–2.3)	<i>A, B</i>	<i>A+</i> (домінантний)	Підвищення репродуктивних якостей свиноматки
Естроген-рецептор (<i>ESR</i>), <i>SSC</i> 1 (p2.5-p2.4)	<i>A, B</i> (<i>C, D</i>)	<i>B+</i> (домінантний) (<i>D+</i>)	
Фолікулостимулюючий гормон β (<i>FSHB</i>), <i>SSC</i> 2 (p1.6-->p1.2)	<i>A, B</i>	<i>BB</i> (рецесивний)	
Фукозилтрансфераза 1 (<i>FUT1</i>), <i>SSC</i> 6	<i>A, G</i>	<i>AA</i> (рецесивний)	Резистентність до <i>E. coli</i> (колібактеріозу)
Муцін (<i>MUC44</i>), <i>SSC</i> 13 (q41)	<i>A, B</i>	<i>AA</i> (рецесивний)	Покращення апетиту, пришвидшення приросту живої маси, відкладання жиру
Меланокортин4-рецептор (<i>M4CR/PRUM</i>), <i>SSC</i> 1	<i>A, B</i> (<i>M, P</i>) (<i>Asp298, Asn298</i>)	<i>BB</i> (<i>PP</i>), <i>Asn298</i> (рецесивний)	
Міогенін фактор (<i>MYF4</i>)	<i>A, B</i>	<i>BB</i> (рецесивний)	Збільшення ваги новонароджених поросят
Фактор, що детермінує ріст міобластів (<i>MyoDI</i>)	<i>A, B</i>	<i>AA, AB</i>	Збільшення показників приросту маси
Протоонкоген (<i>C-MYC</i> , міогенез-, адипогенез-, фолікулогенез-фактор), <i>SSC4</i> (p13-14)	<i>A, B</i>	<i>AA</i> (рецесивний)	Збільшення приросту маси тварин
Рианодин-рецептор (<i>RYR, HAL, CRC</i>), <i>SSC</i> (6q1.2)	<i>N, n</i>	<i>N+</i> (домінантний)	Відсутність стрес-чутливості

З метою збільшення ефективності виробництва продукції тваринництва доцільно

проводити генотипування плідників та відбирати тих, які успадкували бажані алельні варіанти генів, вилучати з розведення тварин, що несуть генетичний тягар. Це дозволяє здійснювати маркерну селекцію і розводити тварин, які стійкі до інфекційних захворювань, стресу, мають високі показники приросту маси, плідності [2-6, 9, 11].

Особливої уваги заслуговують гени, певні алельні варіанти яких асоційовані з якістю сировини. У великої рогатої худоби відомі гени, поліморфізм яких пов'язаний з молочною продуктивністю (табл. 2). Ці гени можна розподілити на гени білків молока, які впливають на вміст і якість білків молока, гени ліпідного обміну, які впливають на вміст жиру, та гени регуляторних систем, які в цілому впливають на продуктивні показники організму [4, 5, 11].

Таблиця 2. Вплив генів на молочну продуктивність великої рогатої худоби [11]

Ген, локалізація	Алелі	Бажаний алель	Вплив бажаного генотипу
Капа-казеїн (кара-CN, CSN3), 6	<i>A, B</i>	<i>B+</i>	більший вміст білку та жиру в молоці, кращі показники часу сичужного звертання та щільності сиру, хоча тварини з генотипом <i>AA</i> мають кращі показники надоїв молока
Бета-лактоглобулін (β -лактоглобулін, BLG), 12	<i>A, B</i> -найбільш розповсюджені з 12 алельних варіантів	<i>B+</i>	більші концентрації жиру та білку в молоці (алель <i>B</i> вважається більш цінним, хоча тварини з генотипом <i>AA</i> дають більші надої молока та вихід білку)
Гормон росту (GH)	<i>L, V</i>	<i>L+</i>	жирність молока, використання енергії на рівні цілого організму, сприяє стимульованому інсуліном ліпогенезу
Гіпофіз-специфічний фактор транскрипції Pit-1/GHF1	<i>A, B</i>	<i>B+</i>	збільшує надій, вихід жиру та протеїну регулює гормону росту, пролактин, стимульовані щитовидною залозою β -гени в соматотропних, лактотропних та тиротропних типах клітин
Пролактин, 23	<i>A, B(G)</i>	<i>B+</i>	збільшує надій, вміст та вихід жиру і протеїну в молоці, впливає на розвиток молочних залоз, виділення молока та експресія генів молочних білків
Лептин (LEP)	<i>A, B, C</i>	<i>A</i>	впливає на формування жирових відкладень та продуктивність в перший період лактації
Ген ацетил-СоА-диацилгліцераолацетилтрансферази (ДГАТ, EC2.3.1.20)	<i>A, K</i>	<i>A</i>	діє на клітинний метаболізм ліпідів: шлункову адсорбція, збирання ліпопротеїдів, формування жирових відкладень та лактації: - аланіновий варіант алеля відповідає за збільшення виходу протеїну та зменшення жиру в молоці
		<i>K</i>	лізиновий варіант алеля відповідає за збільшення вмісту жиру

Що стосується м'ясної продуктивності, то найбільш вивченим є вплив гену міостатину (*MSTN*), мутації в якому призводять до появи подвійної мускулатури [5] та гормону росту.

Доцільними у використанні прогнозу м'ясної продуктивності є цитогенетичні маркери [1]. Так, було встановлено, що плідників ВРХ частота поліплоїдних клітин периферійної крові корелює з швидкістю набору маси. В наших дослідженнях знайдено позитивний кореляційний зв'язок між кількістю поліплоїдних клітин у периферійній крові та конституцією і екстер'ером у бугаїв ($r=+0,51$), тобто підвищена кількість поліплоїдних клітин має позитивний зв'язок з масою плідників м'ясного напрямку продуктивності [10].

Згідно до наших даних деякі цитогенетичні показники можуть свідчити про плідність тварин. Згідно з нашими дослідженнями кореляційний аналіз між частотою клітин з хромосомними абераціями і показниками спермапродуктивності дозволив виявити, що у бугаїв чорно-рябої голштинської породи спостерігається зворотній зв'язок з відсотком запліднення ($r=-0,6153$ ($0,99 >P>0,95$), $r=-0,6024$ ($0,99 >P>0,95$)) [7]. Таким чином було показано тісний зв'язок між рівнем соматичного мутагенезу і відсотком запліднення (сперматогенезом зокрема та гаметогенезом взагалі).

Підвищена частота клітин з хромосомними абераціями може слугувати індикатором наявності мутагенного впливу, викликаного чинниками різної природи [8]. В цьому випадку доцільно рекомендувати проведення повторного цитогенетичного аналізу після докладного вивчення умов утримання та годівлі, усунення імовірно мутагенних факторів, здійснення ветеринарного контролю що до можливих вірусних інфекцій, тощо. Якщо повторний цитогенетичний аналіз племінних тварин повторює попередні дослідження, тобто також свідчить про їх високу частоту (більше 8%), слід ставити питання про недоцільність використання дослідженої тварини у племінному розведенні.

Від впливу паратипових факторів залежить 33,0% прояву *анеуплоїдії* ($2n\pm 2$) у бугаїв чорно-рябої голштинської породи [7]. Високий рівень клітин з анеуплоїдією може свідчити про високий ризик отримання нащадків з кількісними порушеннями хромосом. В більшості випадків такі вагітності перериваються на ранніх стадіях ембріогенезу або призводять до появи тварин з вадами розвитку [12]. Числові порушення статевих хромосом часто несумісні з життям або призводять до зниження фертильності аж до безпліддя [13]. Коефіцієнт кореляції між анеуплоїдією і відсотком запліднення в наших дослідженнях дорівнював $r=-0,5330$ ($P=0,95$) [7].

Таким чином, здійснення маркерної селекції дозволяє прискорювати селекційний процес, розводити тварин – носіїв цінних генотипів та контролювати умови середовища.

Висновки. 1. Використання молекулярно-генетичних маркерів у селекції дозволяє збільшити конкурентноспроможність сільськогосподарської сировини.

2. З метою підвищення ефективності тваринництва доцільно використовувати маркерну селекцію, засновану на визначенні генотипів плідників за генами господарсько-корисних ознак, пов'язаних із здоров'ям тварин (гени стійкості до інфекційних захворювань, гени спадкових захворювань), плідністю (гени рецепторів естрогену та пролактину, гени багатоплідності), гени якості сировини (гени біохімічного складу молока та м'яса).

3. Результати цитогенетичного аналізу дозволяють прогнозувати плідність тварин та дають можливість визначити наявність генотоксичного впливу.

Робота проведена за підтримки Державного фонду фундаментальних досліджень МОН України.

Література

1. Дзіцюк В. В. Використання цитогенетичних методів у селекції плідників / В.В. Дзіцюк – К. : Аграрна наука, 2009. – 60 с. – (Наукове видання).
2. Коновал О. М. Дослідження поліморфізму свиней великої білої породи за генами господарсько корисних ознак / О.М. Коновал, С.О.Костенко, К.Білек, Ж.Філкукова. Наукові доповіді НАУ [електронний ресурс] // – К., 2008 –№1 (9) – 15 с. – режим доступу до журн.: <http://www.nbu.gov.ua/e-Journals/nd/2008-1/08komevt.pdf> 11.
3. Коновал О.М. Генетичний поліморфізм свиней породи велика біла за молекулярними і цитогенетичними маркерами: автореф. дис. на здобуття наукового ступеня к.б.н.: спец. 03.00.22 – молекулярна генетика/ О.М.Коновал - Інститут харчової біотехнології і геноміки НАН України. - Київ, 2009.- 21 с.
4. Копилов К.В. Комплексний аналіз тварин великої рогатої худоби білоголової української та української чорно-рябої молочної порід за різними ДНК-маркерами / Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва // Копилов К.В., Копилова К.В., Арнаут К.О., Боярська А.В. – Біла Церква, 2010. – Вип. 2 (70). – С. 71-72.
5. Копилова К.В. Поліморфізм генів, асоційованих з господарсько-цінними ознаками великої рогатої худоби : дис. канд. с.-г. наук: 03.00.15 / УААН; Інститут агроєкології. - К., 2006.
6. Костенко С.О. Залежність репродуктивних якостей свиней великої білої породи від алельних варіантів естроген- і пролактин-рецепторів / Науковий вісник Національного аграрного університету // С.О.Костенко, О.М.Коновал, К.Білек, Ж.Філкукова – К., 2007. – Вип. 109. – С. 49-56.
7. Костенко С.О. Зв'язок спермопродуктивності з мінливістю цитогенетичних параметрів бугаїв-плідників симентальської та голштинської порід великої рогатої худоби / С.О.Костенко, Л.Ф.Стародуб / Науковий вісник Національного університету біоресурсів і природокористування України, – 2009. – Вип. 138. – С.246 – 251.
8. Костенко С.О. Показники цитогенетичної мінливості *Sus scrofa*. – Зб. наук. НАН України УААН, АМН України, укр. т-во генетиків і селекціонерів ім. М.І. Вавилова; редкол.: В.А.Кунах (голов.ред.) [та ін.]. – С.О.Костенко, О.М.Коновал, О.В.Сидоренко, В.Т.Сметанін // К.: Логос. – т. 6.: – 2009. – С. 149-154.
9. Костенко С.О. Поліморфізм за геном меланокортин-рецептора (MC4-R) у свиноматок велика біла і ландрас / Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва // С.О.Костенко, О.В.Сидоренко – Біла Церква., 2010. – Вип. 2 (70). – С. 73-76.
10. Костенко С.О. Цитогенетичні параметри бугаїв-плідників м'ясного напрямку продуктивності великої рогатої худоби / С.О.Костенко, О.В. Вдовиченко, Л.Ф. Стародуб // Збірник наукових праць Подільського державний аграрно-технічний університету. Серія «Технологія виробництва і переробки тваринництва». – Кам'янець-Подільський. : видавець ПП Зволейко Д.Г., – 2010. – Вип. 18. – С. 98 – 100.

11. Малієнко В.А. Аналіз генетичної структури дійних корів української чорно-рябої молочної породи агрономічної дослідної станції НАУ «Митниця» за генами, пов'язаними з проявом господарсько цінних ознак /Малієнко В.А. , Спиридонов В.Г., Новак Н.Б., Мельничук М.Д.//Наукові доповіді НАУ 2008-1(9) <http://www.nbuuv.gov.ua/e-Journal/nd/2008-1/08mvawpt.pdf>.
12. Herzog A. Autosomal trisomy in calves with dwarfism / A.Herzog, H.Hohn and F. Olyschlager // Dtsch. Tieraerztl. Wochenschr. – 1982 – .V. 89. – P. 400 – 403.
13. Mayr B. / A viable calf with trisomy / B. Mayr, H. Krutzler, H. Auer [et al.] // Cytogenet. Cell. Genet. 1985–V. 39. – P. 77 – 79.

Summary

The use of genetic markers of the productivity of farm animals for increase of competitive ability of food raw material

Kostenko S.O.

The basic approach of use of genetic markers of the productivity of farm animals for the increase of competitiveness of food raw material have been generalized. With the purpose of increase of efficiency of stock-raising it is expedient to utilize a marker selection, based on determination of genotypes of producers by the genes of economic-useful signs, related to the health of animals (genes of stability to the infectious diseases, genes of the inherited diseases), fecundity (genes of receptors of estrogen and prolactin, genes of multiple pregnancy), genes of quality of raw material (genes of cheese-making milk, biochemical composition of meat). The results of cytogenetic analysis allow to forecast breeding power of animals and enable to define the presence of genotoxic influence.

Keywords: genetic markers, productivity of agricultural animals, reproductive qualities, pig, fecundity, cattle.