

АКТУАЛЬНІСТЬ ПРОВЕДЕННЯ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧНОГО АНАЛІЗУ В НОРКІВНИЦТВІ

О. М. Гавриш, к. с.-г. н., gavrish_a_m@ukr.net, *Є. А. Шевченко*, к. с.-г. н., shevchenko.e.a.ser@gmail.com,
Н. В. Яремич, kucelepik@ukr.net
Черкаська дослідна станція біоресурсів НААН

Ефективне звірівництво базується на максимальному використанні генетичного потенціалу тварин, отриманих у процесі селекції. Однією із важливих проблем підвищення ефективності вдосконалення внутрішньопородних структур норок — є вивчення генетичних детермінант формування високої продуктивності і генетичний моніторинг у селекційному процесі.

Наразі поряд з селекційними методами все більше використовуються молекулярно-генетичні дослідження. Тим не менше, не дивлячись на активний розвиток ДНК-технологій, вони ще не отримали широкого розповсюдження у вивченні мінливості кольорових форм і типів хутрових звірів. У кращому випадку молекулярно-генетичні методи використовуються в популяційному аналізі та ветеринарній практиці для діагностики інфекційних захворювань. Зокрема, в норківництві проведено картування геному норки (Мальченко С. Н., 1996), побудовано генетичну карту зчеплення (Anistoroaei R., 2007), вивчено філогенетичні особливості тварин з використанням мікросателітних ДНК-маркерів (Lecis A., 2007; Yucari S., 2010; Легкобіт А. П., 2013), знайдено ряд локусів кількісних ознак, пов'язаних з якісними ознаками хутра (Thristrup J. P., 2013).

Слід зазначити про те, що сучасні генетичні підходи з вдосконалення порід та внутрішньопородних структур засновані на більш повній оцінці генотипу сільськогосподарських тварин і генетичного різноманіття популяцій, таких як маркер-допоміжна селекція (MAS, або Marker Assisted Selection). Використання маркерних генів для генетичної експертизи походження вже увійшло в практику тваринництва багатьох країн і стало обов'язковим елементом племінної роботи. Актуальним завданням є вивчення можливостей використання маркер-допоміжної селекції в звірівництві, зокрема у норківництві та впровадження результатів наукових досліджень у практику племінної роботи.

Розвиток маркер-допоміжної селекції ставить завдання збільшення числа використовуваних маркерів і виявлення їх функцій у геномі, а також встановлення зв'язку з господарсько-корисними ознаками. Цьому сприяє швидкий розвиток ДНК-технологій, що дозволяє значно збільшити число вивчених молекулярно-генетичних маркерів. Використання сучасних молекулярно-генетичних методів аналізу дозволило у звірівництві надати додаткову інформацію на генотиповому рівні, вирішити ряд питань щодо підтвердження їх типу. Перед усім це пов'язане з тим, що ДНК-маркери генерують ряд дискретних ознак, які можуть бути ідентифіковані на будь-якій стадії розвитку тварин.

Особливу актуальність має картування локусів кількісних ознак (QTL, або Quantitative Trait Loci). Для вирішення цієї проблеми комплексно аналізують фенотипові дані, родоводи і генетичні маркери. На сьогодні здійснюється міжнародний проект по картуванню локусів кількісних ознак норок (Anistoroaei R., 2007). Комплекси генів, які входять до складу QTL відіграють важливу роль у формуванні генотипу різних породних типів норок або спеціалізованих груп.

Оцінка норок за молекулярно-генетичними маркерами QTL є важливою для фенотипових ознак, які проявляються відносно пізно або тільки у тварин однієї статі, а також для тих ознак, на прояв яких значно впливають паратипові фактори.

В Україні проведення генетичної експертизи походження сільськогосподарських тварин є складовою ідентифікації їх племінної цінності, однак в норківництві вона відсутня. Згідно з «Положення про порядок проведення генетичної експертизи походження та аномалій племінних тварин», генетична експертиза складається з імуногенетичних, цитогенетичних досліджень та проведення ДНК-аналізу.

Тому, з ціллю вирішення питання визначення походження норок, нами будуть проводитись дослідження генетичної диференціації внутрішньопородних структур цих тварин за мікросателітними та міжмікросателітними ДНК-маркерами.