

ПЕРСПЕКТИВНІ ГЕНИ-МАРКЕРИ, ЯКІ ВПЛИВАЮТЬ НА М'ЯСНУ ПРОДУКТИВНІСТЬ СВИНЕЙ

П. О. Шобанін, аспірант

Науковий керівник – канд.с-г. наук, доцент Лихач В. Я.

Миколаївський національний аграрний університет, Україна

Проаналізовано та узагальнено літературні дані щодо впливу генів-маркерів MC4R та IGF-2 на м'ясну продуктивність свиней. Встановлено, що дані гени впливають на рівень споживання корму тваринами, кількість жиру і м'яса в туші та її довжину. Перевага ДНК-маркерів полягає в тому, що можна визначити генотип тварини незалежно від статі, віку і фізіологічного стану особин, що дозволяє значно підвищити ефективність селекційно-племінної роботи.

Ключові слова: свині, ген-маркер, продуктивність, MC4R, IGF-2.

Постановка проблеми. Сучасний етап розвитку ДНК-технологій дозволяє проводити дослідження організмів на молекулярному рівні і зчитувати нуклеотидну послідовність ДНК. На сьогодні вважається, що в структурі ДНК закодовано весь план розвитку організму. І хоча ще немає таких методів, що дозволяють за наявною нуклеотидною послідовністю дати повну характеристику організму, тим не менш, вже досягнуто великі успіхи в цьому напрямку. З моменту започаткування міжнародного науково-дослідного проекту щодо розшифрування генома людини була розроблена велика кількість нових молекулярно-генетичних методів дослідження, більшість з яких останнім часом автоматизовані. Ці методи аналізу отримали широке поширення в медицині, фармакології, а також в сільському господарстві.

Зокрема, розшифрування геномів сільськогосподарських тварин, створення генетичних карт, вивчення будови певних генів посприяло розвитку маркер-залежної селекції (MAS, англ.) – селекції на основі ДНК-маркерів (певних ділянок нуклеотидної послідовності) [14].

Аналіз останніх досліджень і публікацій. Однією із важливих задач селекційної роботи в свинарстві є розробка критеріїв прогнозування генетичної цінності особин за основними господарсько-корисними ознаками.

В даний час у свинарстві все більшу популярність набувають генетичні маркери, засновані на генах, білковий продукт яких відіграє значну роль у формуванні або регуляції біохімічних та фізіологічних процесів. Сам ген при цьому повинен володіти різними алельними

варіантами (поліморфізмом), які пов'язані з варіативністю рівня продуктивності. «Зчитування» цих варіантів і виявлення бажаних дозволяє проводити селекцію тварин за генотипом.

Ступінь впливу і рівень інформативності більшості генів-маркерів залежить від генотипічної конструкції популяцій («груповий генотип»). Впровадження в селекційний процес генів-маркерів має неодмінно супроводжуватися вивченням взаємозв'язку генотипів з продуктивними якостями на тлі існуючого «групового генотипу» популяцій, тобто потрібен синтез традиційних і молекулярно-генетичних методів.

Мета досліджень. Аналіз та узагальнення літературних даних щодо впливу поліморфізму генів *MC4R* та *IGF-2* на м'ясну продуктивність свиней.

Матеріали і методика досліджень. Дослідження виконували шляхом аналізу та узагальнення інформації із доступних літературних джерел.

Виклад основного матеріалу досліджень. З метою прискорення селекційного процесу удосконалення технології племінної роботи у селекції свиней використовують деякі ДНК-маркери, що впливають на м'ясну продуктивність тварин, такі як: ген інсуліноподібного фактора росту-2 (*IGF-2*), ген рецептора меланокортина 4 (*MC4R*), група генів білків, які зв'язують жирні кислоти (*FABP*), ген гіпофізарного транскрипційного фактора-1 (*POU1F1*) та ін.

Одним із головних генів, що визначають рівень розвитку ознак м'ясної продуктивності свиней є ген рецептора меланокортина 4 (*MC4R*). Сьогодні відомі п'ять типів рецепторів меланокортина – *MC1R*, *MC2R*, *MC3R*, *MC4R*, *MC5R*, які кодуються різними генами і виконують різні функції [7].

Ген *MC4R* експресується в різних ділянках ЦНС, зокрема в таламусі, гіпоталамусі, стовбурі та корі головного, а також ділянках спинного мозку. Експресія гена *MC4R* кодує другий тип нейрональних меланокортинових рецепторів-4, що представляють собою трансмембранні рецептори, що мають 7 трансмембранних доменів, які пов'язані з G-білками, що розташовані в ядрах гіпоталамуса. Експресія *MC4R* в цих структурах нервової системи свідчить про їх можливу участь в регуляції вегетативних і нейроендокринних функцій [10].

Функціональною особливістю *MC4*-рецептора є контроль маси тіла та регулювання харчової поведінки. Механізми цієї дії до кінця не вивчено, але на підставі наявних літературних даних можна зробити висновок, що деякі особливості даного процесу реалізуються при взаємодії *MC4*-рецепторів з системою лептину [8].

На сьогодні вважається, що в результаті мутації в гені *MC4R* відбувається порушення проведення гормонального сигналу лептину. Жирова тканина відіграє активну роль в регуляції енергетичного гомеостазу організму, діючи як ендокринний орган. Зміни в цьому обміні вважаються важливими для пубертатного переходу до репродуктивної функції. Лептин збільшує секрецію гонадотропних гормонів, які необхідні для ініціації та підтримки нормальної репродуктивної функції [4]. На підставі вище перелічених особливостей, ген *MC4R* може впливати на репродуктивні якості свиней.

Хоча відомості про зв'язки між поліморфізмом *MC4R* і продуктивними показниками свиней носять не однозначний характер, встановлено досить помітний його вплив на середньодобовий приріст, споживання корму, нарощування м'язів, вміст жиру в туші і довжину туші. У переважній більшості досліджень, виконаних як на чистопородних тваринах і синтетичних лініях свиней, так і на двох-, трьох- і чотирьохпородних кросах мало місце наступне співвідношення генотипів *MC4R* по швидкості зростання – AA>GG. За товщиною шпику встановлено залежність AA>GG і AG>GG. У деяких дослідженнях виявлено зворотній зв'язок (AA<GG) або не виявлено будь-якої залежності між генотипами за *MC4R* і рівнем розвитку цієї ознаки. Таким чином, вплив генотипу по *MC4R* проявляється по-різному залежно від породної приналежності свиней [13].

Окрім гену рецептора меланокортин 4 (*MC4R*) одним з перспективних маркерів м'ясних і відгодівельних якостей свиней на сьогоднішній день є ген інсуліноподібного фактора росту-2 (*IGF-2*), який бере участь у багатьох метаболічних, мітогенних і диференціюючих процесах, що відбуваються в ембріональних тканинах і плаценті [5].

Система *IGF* складається з двох зв'язаних факторів росту (*IGF-I* і *II*) і групи *IGF*-зв'язувальних білків (*IGFBPs*) [12]. Гени *IGF-I* та *IGF-II*, також відомі як соматомедин С і соматомедин А. Вони є єдиними поліпептидними ланцюгами, які поділяють амінокислотні послідовності з гомологією 47% з інсуліном (*INS*) і близько 31% з *RLN*. *IGF-II* входить в сімейство білкових ростових факторів поряд з інсуліном та релаксином і діє як стимулятор росту на клітинному рівні [3]. У свиней ген *IGF2* локалізований на 2-й хромосомі.

В. А. Дойлидов [1] довів, що *IGF-II* відіграє ключову роль в ембріональний період: він регулює ріст плода, бере участь в широкому спектрі процесів метаболізму, міо- і мітогенезі, інгібуванні апоптозу, проліферації і диференціювання клітин в ембріональних тканинах і плаценті. Аутокринна секреція білка *IGF-2* відіграє значну роль у диференціюванні клітин скелетної мускулатури.

Поліморфізм гена *IGF-2* обумовлений наявністю двох алелей – Q і q. Слід зазначити, що за твердженням А.-S. Van Laere et.al., [9] даний ген характеризується патернальним впливом на продуктивність, тобто у потомства проявляється дія тільки того алелю, який був успадкований від батька, що істотно полегшує розробку селекційної стратегії, оскільки для досягнення позитивного ефекту у потомства достатньо проведення тестування лише кнурів-плідників.

Т. Ф. С. Маскау [15] встановив, що причиною поліморфізму гена *IGF-2* є точкова мутація (гуанін→аденін) в інтроні 3 у позиції 3072. Даний фрагмент є частиною, еволюційно збереженої ділянки ДНК, функція якої на даний момент досконало не вивчена [11]. Проведений А.-S. Van Laere зі співавторами ДНК-аналіз для виявлення поліморфізму гена інсуліноподібного фактору росту-2 європейського та азіатського диких кабанів, дозволив встановити відсутність мутантного алелю *IGF^Q* серед протестованих тварин, який, судячи з усього, з'явився серед тварин спеціалізованих порід у результаті жорсткого відбору за м'ясною продуктивністю [9].

Дослідження, проведені Н. А. Лобаном [6], показали, що мутація в гені *IGF-2* (q→Q) суттєво впливає на швидкість росту і відкладення жиру у свиней. Потомство кнурів, несучих бажаний генотип QQ гена *IGF-2*, характеризується підвищеним середньодобовим приростом (+30...80 г/добу), у порівнянні з потомством кнурів з генотипом qq, і м'ясністю туш (площа «м'язового вічка» більше на 3...7 см², товщина шпигу менше на 3...7 мм, вихід пісного м'яса вище на 2...3%), а також відрізняється зниженими (на 0,1...0,2 кг) витратами корму на 1 кг приросту [2].

Висновки. Аналіз літературних джерел щодо впливу генів-маркерів м'ясної продуктивності тварин показує доцільність більш широкого впровадження ДНК-маркерів у тваринницьку практику. Перевага ДНК-маркерів полягає в тому, що можна визначити генотип тварини незалежно від статі, віку і фізіологічного стану особин, що дозволяє значно підвищити ефективність селекційно-плеємної роботи і, відповідно, виходу тваринницької продукції.

Список використаних джерел:

1. Дойлидов В. А. Морфологический состав туш молодняка свиней в зависимости от генотипа хряков пород йоркшир, ландрас и дюрок по гену *IGF-2* (IN2) / В. А. Дойлидов, М. Е. Михайлова, Д. А. Каспирович // Современные тенденции и технологические инновации в свиноводстве : материалы XIX Междунар. науч.-практ. конф. — Горки : БГСХА, 2012. — С. 41—45.
2. Зиновьева Н. А. Молекулярно-генетические методы и их использование в свиноводстве / Н. А. Зиновьева // Достижения науки и техники АПК. — 2008. — № 10. — С. 34—36.

3. Дослідження поліморфізму свиней великої білої породи за генами господарсько корисних ознак / [О. М. Коновал, С. О. Костенко, К. Білек, Ж. Філкукова] // Наукові доповіді НАУ. — 2008. — № 1(9). — С. 15.
4. Леонова М. А. Воспроизводительные качества свиней породы ландрас разных генотипов по генам PRLR и MC4R [Электронный ресурс] / М. А. Леонова, А. Е. Святогорова // Научный журнал КубГАУ, 2014. — Режим доступа до ресурсу : <http://ej.kubagro.ru/2014/09/pdf/65.pdf>.
5. Лобан Н. ДНК-диагностика признаков продуктивности свиней / Н. Лобан, А. Чернов // Животноводство России. — 2009. — Спец. вып. — С. 23—24.
6. Лобан Н. Ассоциация полиморфных генотипов хряков с мясо-откормочной продуктивностью / Н. Лобан // Вестник Новосибирского Государственного Аграрного Университета. — 2010. — № 3 (15). — С. 79-85.
7. Лядский И. К. Связь Asp298Asn-полиморфизма гена MC4R с толщиной спинного сала у свиней крупной белой породы / И. К. Лядский, А. А. Гетья, К. Ф. Почерняев // Цитология и генетика. — 2011. — № 2. — С. 52—56.
8. Перспективные гены-маркеры продуктивности свиней / Н. В. Михайлов, Л. В. Гетманцева, Н. А. Святогоров [и др.] // Вестник Донского государственного аграрного университета. — 2013. — №3 (9). — С. 16—19.
9. A regulatory mutation in IGF2 causes a major QTL effect on muscle growth in the pig / A. -S. Van Laere [et al.] // Nature. — 2003. — № 425. — P. 832—836.
10. Candidate gene analysis for quantitative traits using the transmission disequilibrium test : The exam of the Melanocortin 4-Receptor in pigs / [J. Herna´ndez-Sa´nchez, P. Visscher, G. Plastow, C. Haley] // Genetics. — 2003. — № 164. — P. 637—644.
11. Comparative sequence analysis of the Insulin-IGF2-H19 gene cluster in pigs / V. Amarger [et al.] // Mamm. Genome. — 2002. — № 13. — P. 388—398.
12. Insulin-like growth factor (IGF)-I, IGF-II, IGF-binding protein-2 and pregnancy-associated glycoprotein mRNA in pigs with somatotropin-enhanced fetal growth / [J. A. Sterle, C. K. Boyd, J. T. Peacock et. al.] // Journal of Endocrinology. — 1995. — № 159. — P. 441—450.
13. Houston R. D. A Melanocortin-4 receptor (MC4R) polymorphism is associated with performance traits in divergently selected large white pig populations / R. D. Houston, N. D. Cameron, K. A. Rance // Anim. Genet. — 2004. — № 35. — P. 386—390.
14. Kim K. S. Rapid communication: linkage and physical mapping of the porcine melanocortin-4 receptor (MC4R) gene / K. S. Kim, N. J. Larsen, M. F. Rothschild // Journal of Animal Science. — 2000. — № 78. — P. 3—16.
15. Mackay T. F. C. Quantitative trait loci in Drosophila / T. F. C. Mackay // Nature Rev. Genet. — 2001. — № 2. — P. 11—21.

П. А. Шибанин. Перспективные гены-маркеры, влияющие на мясную продуктивность свиней.

Проанализированы и обобщены литературные данные о влиянии генов-маркеров MC4R и IGF-2 на мясную продуктивность свиней. Установлено, что данные гены влияют на уровень потребления корма животными, количество жира и мяса в туше и ее длину. Преимущество ДНК-маркеров заключается в том, что можно определить генотип животного независимо от пола, возраста и физиологического состояния особей, что позволяет значительно повысить эффективность селекционно-племенной работы.

Ключевые слова: свиньи, ген-маркер, производительность, MC4R, IGF-2.

P. Shebanin. Perspective marker genes that affect the pigs; meat productivity.

The current stage of development of DNA technology allows to study of organisms at the molecular level and the nucleotide sequence of DNA. Currently, the pig becoming more and more popular genetic markers based on genes which protein product plays a significant role in the formation and regulation of biochemical and physiological processes. Gene by itself at the same time should have a different allelic variants (polymorphisms) that are associated with the variability of performance. "Reading" these options and identify desired allows breeding of animals by genotype.

Analysis of the literature on the impact of gene markers of meat animal performance shows feasibility with wider introduction of DNA markers in practice. The advantage of DNA markers is that you can determine the genotype of the animals regardless of gender, age and physiological state of animals that can significantly increase the effectiveness of selection and breeding and thus the output of livestock products.

Key words: *pigs, gene markers, productivity, MC4R, IGF-2.*