

ресс до 60,4 кг молока, а рентабельность программы селекции увеличится до 72% год.

Заключение. Моделирование с помощью компьютерной программы альтернативных вариантов программы селекции, которая сочетает в себе разные взаимодействия постоянных и переменных факторов, приведет к получению разного уровня генетико-экономического прогресса в породе, что свидетельствует о возможностях оптимизации селекционного процесса.

ЛИТЕРАТУРА

1. Басовський М. З. Оптимізація селекції молочної худоби / М. З. Басовський, І. А. Рудик, М. Я. Єфіменко, М. В. Ткаченко. // Тваринництво України. – 1996. – № 7. – С. 9-11.
2. Кузнецов В. М. Современные методы анализа и планирования селекции в молочном стаде / В. М. Кузнецов. – Киров: Зональный НИИСХ Северо-Востока, 2001. – 116 с.
3. Ладика В. І. Племінну оцінку – на загальнодержавний рівень / В. І. Ладика, Л. М. Хмельничий // Тваринництво України. – 2007. – № 2. – С. 10-11.
4. Ткаченко М. В. Удосконалення генеалогічної структури племінних стад української чорно-рябої молочної худоби шляхом виявлення і використання бугаїв-лідерів / М. В. Ткаченко, С. В. Ткаченко // Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва: зб. наук. праць / Білоцерківський нац. аграр. ун-т. – Біла Церква, 2014. – Вип. 1 (110). – С. 43-46.
5. Meuwissen T.H.E. Genomik selection / T.H.E. Meuwissen, B. J. Hayes // J/ Animal. Breed. Genet. – 2007. – Vol.8. – P. 323-330.
6. Teneva A. Molecular markers in animal genome analysis / A. Teneva // Biotechnology in animal husbandry. – 2009. – Vol. 25 (5-6). – P. 1267-1284.
7. Jenko J. Comparison between sire-maternal grandsire and animal models for genetic evaluation of longevity in a dairy cattle population with small herds / J. Jenko, G. Gorjanc, M. Kovac, V. Ducrocq // J Dairy Sci. – 2013.– Vol. 96. – No. 12. – P. 8002-8013.

УДК 636.2

УСТОЙЧИВОСТЬ КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА ГРОДНЕНСКОЙ ОБЛАСТИ К ГЕНЕТИЧЕСКИ ДЕТЕРМИНИРОВАННЫМ ЗАБОЛЕВАНИЯМ (BLAD, CVM, DUMPS, CITRULLINAEMIA, BRACHYSPINA, FACTOR XI)

Р. В. Трахимчик, Л. А. Танана, О. А. Епишко

УО «Гродненский государственный аграрный университет»

г. Гродно, Республика Беларусь

(Республика Беларусь, 230008, г. Гродно, ул. Терешковой, 28

e-mail: RomaXXXL@mail.ru)

Ключевые слова: ДНК-маркер, генетически детерминированные заболевания, рецессивные мутации, бык-производитель, генетические аномалии, BLAD, CVM, DUMPS, Citrullinaemia, Brachyspina, Factor XI, CD18 (ITGB2), SLC35A3, UMPS, ASS, FXI, FANCI.

Аннотация. Внедрение в селекционный процесс ДНК-маркеров крупного рогатого скота является актуальной проблемой, решение которой обеспечило бы проведение в нашей республике целенаправленной селекции с целью формирования стад животных, способных противостоять вирусным и бактериальным инфекциям, с высоким иммунитетом, а также улучшение молочной продуктивности, формирование стад с улучшенным качеством молока. Это особенно важно при закупке импортного крупного рогатого скота.

SUSTAINABILITY OF CATTLE OF THE GRODNO REGION TO GENETIC-DETERMINED DISEASES (BLAD, CVM, DUMPS, CITRULLINAEMIA, BRACHYSPINA, FACTOR XI)

R. V. Trakhimchyk, L. A. Tanana, O. A. Epishko

EI «Grodno State Agrarian University»

(Belarus, Grodno, 230008, 28 Tereshkova st.

e-mail: RomaXXXL@mail.ru)

Key words: DNA marker, genetically determined diseases, recessive mutations, bull producer, genetic abnormalities, BLAD, CVM, DUMPS, Citrullinaemia, Brachyspina, Factor XI, CD18 (ITGB2), SLC35A3, UMPS, ASS, FXI, FANCI.

Summary. Introduction in selection process of DNA-markers of a horned cattle is the actual problem which decision would provide carrying out in our republic marker selections for the purpose of formation of herds of the animals, capable to resist to virus and bacterial infections, with the high immunity shown in the first months forwardness period of development, and also improvement of dairy efficiency, formation of herds with the improved quality of milk, suitable for reception of high-quality cheeses and fibbermilking products. It is especially essential at purchase of import cattle.

(Поступила в редакцию 02.06.2017 г.)

Введение. В Республике Беларусь животноводство является ведущей отраслью сельскохозяйственного производства. Для улучшения разводимого в республике скота используются породы западноевропейской селекции. Голштинская порода крупного рогатого скота – одна из лучших специализированных молочных пород мира. Однако интенсивный, из поколения в поколение, отбор животных по молочной продуктивности, а также максимальное использование небольшого количества производителей-улучшателей без учета инбридинга привел к ряду нежелательных последствий. В результате в наследственности голштинов постепенно накопились нежелательные рецессивные мутации, такие как BLAD, CVM, DUMPS, Citrullinaemia, Brachyspina (гаплотип НН0), Factor XI, имеющих наиболее серьезные экономические последствия [5, 14]. Так, BLAD – это синдром наследственного иммунодефицита крупного рогатого скота, который приводит к недополуче-

нию телят, нарушению физиологических функций организма и смерти телят в постнатальный период, SVM – комплексный порок позвоночника, Dumps – синтез укороченного белка (дефицит уридинмонофосфатсинтетазы), который вызывает гибель эмбриона до 40 дня стельности, Citrullinemia (citrullinuria) – аутосомный беспорядок цикла мочевины, который заставляет аммиак и др. токсичные вещества накапливаться в крови и моче. Brachyspina – мутация, приводящая к ранней эмбриональной смертности, абортam и мертворождению, Factor XI – расстройство коагуляции крови (влияет на свертываемость крови – гемофилия).

В последние годы уделяется значительное внимание поиску генетических аномалий, влияющих на производственные процессы в животноводстве. В генетике и селекции молочного скота данные исследования направлены на выявление и изучение полиморфизма генов, кодирующих вышеуказанные мутации (CD18 (ITGB2), SLC35A3, UMPS, ASS, FXI, FANCI) [7].

Распространение у крупного рогатого скота генетически детерминированных наследственных заболеваний связывают с широким использованием быков-производителей голштинской породы – носителей мутаций. В большинстве развитых стран Европы и Америки проводится ДНК-диагностика носительства генетических дефектов у племенных животных, по результатам которой быки-производители являются носителями мутаций. Одной из возможных причин дальнейшего распространения генетических аномалий может быть то, что гетерозиготные животные могут иметь какие-либо селекционные преимущества по сравнению со здоровыми животными, хотя и не всегда уступают последним [12].

Родоначальниками мутаций являются быки-улучшатели молочной продуктивности, считавшиеся выдающимися производителями. Спустя годы, когда стало известно, что они являются носителем генетических дефектов, их наследственный материал оказался широко распространенным среди черно-пестрых и красно-пестрых пород крупного рогатого скота всего мира [3].

Для оценки взаимосвязи между носительством мутаций и качеством передачи наследственной информации на данный момент в мире проводится геномный анализ [1, 13].

Полученные данные не могут не вызывать озабоченности в качестве используемых в нашей стране быков-производителей. Анализ данных показывает, что если на первом этапе поток мутантных генов в стадо шел в основном через быков-производителей, замороженное се-

мя и трансплантацию эмбрионов, то дальнейшее распространение связано с использованием гетерозиготных быкопроизводящих коров.

Высокая скорость распространения неблагоприятных мутаций определяется рецессивным характером их наследования. Продукты таких генов, как правило, участвуют в регуляции тканеспецифичных функций, и неблагоприятные эффекты мутантного аллельного варианта компенсируются в гетерозиготе нормальной функцией аллеля дикого типа. Негативная селекция на уровне фенотипа является неэффективной в связи с низкой частотой гетерозигот по отношению к гомозиготам [4].

Методы выявления мутаций на генном и геномном уровне позволяют при рецессивном наследовании генетических аномалий проводить весьма эффективную селекцию, ведущую к элиминации нежелательных аллелей и улучшению генофонда [10].

В странах с развитым молочным скотоводством убытки от вышеуказанных мутаций довольно значительны и исчисляются миллионами долларов в год. В странах СНГ потери еще сравнительно небольшие, вероятно, это связано с тем, что генофонд отечественных пород пока находится на стадии накопления генетического груза. Однако мировой опыт показывает, что генетические мутации быстро распространяются при бесконтрольном использовании племенного материала, т. к. гетерозиготные животные часто относятся к группе генетических репродукторов, формирующих резерв генов популяции [5, 13].

Своевременное выявление носителей мутаций BLAD, CVM, DUMPS, Citrullinaemia, Brachyspina (гаплотип HH0), Factor XI позволит избежать скрещивания двух гетерозиготных особей. Поэтому актуальным является выявление и исключение животных-носителей генетически обусловленных аномалий, а также оздоровление селекционно-племенного поголовья республики [2, 9].

Таким образом, можно заключить, что создание и внедрение в селекционный процесс ДНК-маркеров (генов CD18 (ITGB2), SLC35A3, UMPS, ASS, FXI, FANCI) крупного рогатого скота белорусской чернопестрой породы является актуальной проблемой, решение которой обеспечило бы проведение в нашей республике как маркернонаправленной, так и геномноориентированной селекции крупного рогатого скота с целью формирования стад животных, способных противостоять вирусным и бактериальным инфекциям, с высоким иммунитетом, проявляющимся в первые месяцы постнатального развития. Это особенно существенно при закупке импортного скота, отборе быков-производителей на племенных предприятиях, осуществлении процесса селекции в племенных и товарных хозяйствах.

Цель работы: изучить частоту встречаемости генетически детерминированных заболеваний (BLAD, CVM, DUMPS, Citrullinaemia, Brachyspina (гаплотип НН0), Factor XI) в популяции крупного рогатого скота Гродненской области.

Материал и методика исследований. Исследования проводились на кафедре генетики и разведения сельскохозяйственных животных УО «Гродненский государственный аграрный университет», в лаборатории ДНК-технологий УО «Гродненский государственный аграрный университет», в лаборатории ДНК-технологий РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству» и в ДНК-лаборатории Института генетики и цитологии.

Объектом исследований являлся генетический материал, полученный от животных черно-пестрой породы отечественной и западноевропейской селекции, содержащихся в сельскохозяйственных организациях Гродненской области. Было отобрано 480 проб от животных различной линейной принадлежности. Исходным материалом служили образцы ДНК, выделенные из биологических образцов. ДНК-диагностику проводили с использованием метода полимеразной цепной реакции (ПЦР) и полиморфизма длин рестриционных фрагментов (ПДРФ). Ядерную ДНК выделяли из разбавленной спермы (пайеты) перхлоратным методом. Основные растворы для выделения ДНК, амплификации и рестрикции готовили по Маниатису Т., Фрич Э., Сэмбуруку Дж. [4]. Реакция ПЦР проводилась в оптимизированном составе реакционной смеси с использованием праймеров. Для проведения рестрикции применялась эндонуклеаза TaqI.

Для анализа распределения рестриционных фрагментов ДНК использовали компьютерную видеосистему и программу VITran [10].

Результаты исследований и их обсуждение. Распространение у крупного рогатого скота наследственных генетических аномалий связывают с широким использованием быков-производителей голштинской породы – носителей мутаций.

Результаты исследований по определению генетически детерминированных заболеваний в популяции крупного рогатого скота различной линейной принадлежности представлены в таблице.

Данные, представленные в таблице, свидетельствуют о том, что у отобранных животных генетическая мутация BLAD встречается у 44 животных, что составляет 9,2%. Полученные данные свидетельствуют о том, что из 480 животных протестированных на наличие CVM, только 2 показали положительный результат, что составило 0,4%. Генетический дефект DUMPS был выявлен, только у 3 животных (0,6%).

Таблица – Генетическая структура крупного рогатого скота различной линейной принадлежности по наличию генетически детерминированных заболеваний

Наименование мутации	Количество исследуемых животных	Количество носителей	
		голов	%
BLAD	480	44	9,2
CVM	480	2	0,4
DUMPS	480	3	0,6
Citrullinaemia	120	0	0
Brachyspina	75	0	0
Factor XI	120	0	0

У исследуемых животных такие генетические аномалии, как Citrullinaemia, Brachyspina и Factor XI выявлены не были.

Заключение. Впервые изучена генетическая структура крупного рогатого скота различной линейной принадлежности по наличию генетически детерминированных заболеваний BLAD, CVM, DUMPS, Citrullinaemia, Brachyspina (гаплотип HH0), Factor XI, что дает возможность эффективно использовать генотипирование по локусам генов CD18 (ITGB2), SLC35A3, UMPS, ASS, FXI, FANCI в селекционном процессе.

Определение генетической структуры крупного рогатого скота различной линейной принадлежности на наличие генетических дефектов BLAD, CVM, DUMPS, Citrullinaemia, Brachyspina, Factor XI свидетельствует о том, что BLAD-синдром был установлен только у 9,2% животных, CVM – у 0,4%, DUMPS – у 0,6%, а носителей аномалий Citrullinaemia, Brachyspina и Factor XI выявлено не было.

Таким образом, использование результатов проведенного ДНК-тестирования позволит внедрять генетические маркеры (CD18 (ITGB2), SLC35A3, UMPS, ASS, FXI, FANCI) в селекционный процесс крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы, что обеспечит решение важной народнохозяйственной проблемы проведения в нашей республике маркернонаправленной, геномной селекции с целью формирования стад животных, способных противостоять вирусным и бактериальным инфекциям, с высоким иммунитетом, молочной продуктивностью и качеством молока.

ЛИТЕРАТУРА

1. Брэм, Г. Воспроизводительные качества быков-производителей в зависимости от гена CD18 / Г. Брэм, Б. Бренинг // Генетика. – 1993. – Т. 29. – № 6. – С. 18-21.
2. Епишко, Т. И. Зоотехническая наука Беларуси / Т. И. Епишко, О. П. Курак // Сб. науч. тр. Т. 42, / Науч.-практический центр Нац. акад. Наук Беларуси по животноводству. – Жодино, 2008. – 66 с.

3. Коронец, И. Н. Достижения и проблемы биотехнологии / Зоотехническая наука Беларуси / О. П. Курак, Ж. А. Грибанова, Ю. Н. Супранович // сб. науч. тр. Т. 43, Ч. 1 / Науч.-практический центр Нац. акад. Наук Беларуси по животноводству. – Жодино, 2008. – 57 с.
4. Маниатис, Т. Молекулярное клонирование / Э. Фрич, Дж. Сэмбрук // – М., «Мир», – 1984. – 480 с.
5. Марзанов, Н. С. Скрининг гена BLAD-синдрома у животных черно-пестрого корня / А. Н. Попов, Н. А. Зиновьева, В. А. Полежаева, В. М. Игнатъев, Г. Брем // Ветеринарная медицина. – 2000. – № 3. – С. 59-61.
6. Молоко коровье. Требования при закупках: ГОСТ СТБ 1598-2006. – Введ. 01.08.06. – Минск: Комитет по стандартизации, метрологии и сертификации при Совете Министров: РУП «БЕЛНИКТИММП» и РУП «Ин-т животноводства НАН Беларуси», 2006. – 12 с.
7. Столповский, Ю. А. Консервация генетических ресурсов сельскохозяйственных животных: проблемы и принципы их решения / Ю. А. Столповский. // М: Мир, 1997. – 115 с.
8. Тинаев, А. Ш. Хозяйственно-полезные признаки черно-пестрого скота с разными генотипами каппа-казеина / А. Ш. Тинаев, Л. А. Калашникова, К. Аджибеков // Молочное и мясное скотоводство. – 2005. – № 5. – С. 30-32.
9. Шейко, И. П. Использование животных носителей BLAD-синдрома в племенных целях / Зоотехническая наука Беларуси / И. П. Шейко, О. П. Курак, Т. И. Епишко, Н. Ф. Жук, Л. В. Евтушевская // сб. науч. тр. Т. 41, ч. 2: науч.-практический центр Нац. акад. Наук Беларуси по животноводству – Жодино, 2008. – 109 с.
10. Шейко, И. П. Методические рекомендации по применению ДНК-тестирования в животноводстве Беларуси / Т. И. Епишко, О. П. Курак, Р. И. Шейко, И. С. Петрушко, Н. А. Федоренкова [и др.] // Науч.-практический центр Нац. акад. Наук Беларуси по животноводству – Жодино, 2006. – 12 с.
11. Denicourt D. Detection of bovine K-casein genomic variants by the polymerase chain reaction method / D. Denicourt, M. Sabour, A. McAlister // Animal Genetics. – Vol. 21. – 1990 – P. 215-216.
12. Engelhardt, I. Inzucht, bedeute ahnen und warschaeinlichkeit fur BLAD-Merkmalstrauger in der Deutschen Schwarzbuntzucht / I. Engelhardt // Hannover, – 1996. – P. 184-201.
13. King, N. W. Intracellular and extracellular depositions; degenerations. In: Veterinary Pathology, ed. / N. W. King, T. C. Jones, J. Alroy, R. D. Hunt // Williams & Wilkins, Baltimore, MD – 1996 – P. 25-56
14. Shuster D. E. et al, 1992, Kehrli M. E., Ackermann M. R., Gilbert R. O. Identification and prevalence of a genetic defect that causes leucocyte adhesion deficiency in Holstein cattle // Proc. Natl. Acad. Sci. – USA. – 1992. – V. 892. – P. 9225-9229.