

**Библиографический список**

1. Практические советы по пантовому оленеводству в Горном Алтае / В.С. Галкин, П.В. Митюшев, М.П. Любимов. Горно-Алтайск, 1967. 43 с.

2. Макарец Н.Г. Кормление сельскохозяйственных животных / Н.Г. Ма-

карец. Киев: ГУП «Облиздат», 1999. 646 с.

3. Санкевич М.Н. Сезонные типовые рационы маралов-рогачей / М.Н. Санкевич, П.И. Краснослободцев // Проблемы пантового оленеводства и пути их решения: сб. науч. тр. / РАСХН, Сиб. отд-ние. ВНИИПО. Барнаул, 2002. С. 205-222.



УДК 636.4:636.082.22:612-083

Ж.В. Медведева,  
О.Ю. Рудишин

**АНАЛИЗ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ ГЕНОТИПИЧЕСКИХ СВЯЗЕЙ  
В СТАДЕ СВИНЕЙ КАТУНСКОГО ТИПА КРУПНОЙ БЕЛОЙ ПОРОДЫ****Введение**

Достижением аграрной науки последних лет в животноводстве является иммуногенетический анализ стад. В настоящее время он получил наибольшее распространение при контроле записей происхождения племенного молодняка в процессе оценки производителей по качеству потомства. Такая проверка считается обязательной для племенных хозяйств во всех странах развитого животноводства [1].

Изучение полиморфизма эритроцитарных антигенных факторов и аллелей групп крови позволяет определять гетерогенность отдельных популяций, их генетическое разнообразие [2].

**Объекты и методы**

С целью повышения результативности селекционной работы в стаде свиней Катунского типа крупной белой породы были проведены иммуногенетические исследования на чистопородном поголовье. В оценку были взяты 74 хряка и 135 маток.

Аттестацию животных по группам крови проводили в лаборатории биотехнологии ГНУ СибНИПТИЖ с использованием моноспецифических сывороток. Уровень гетерозиготности популяций по ряду систем определяли по формуле Гельдермана [1].

**Результаты и их обсуждения**

Эффективность отбора лучших генотипов во многом определяется селекционно-генетическими показателями их продуктивности.

В таблице приведен средневзвешенный генотип свиней Катунского типа в настоящее время, который сформирован с указанием частоты встречаемости отдельных генотипов по каждой системе групп крови (локусу).

Как следует из таблицы, в локусе G и у хряков, и у свиноматок примерно равная доля желательных генотипов G a/b и G b/b, а именно, 43-46 и 53-57% соответственно. У хряков полностью отсутствует нежелательный генотип G a/a.

По данным Г.Н. Сердюка (2000), свиньи с генотипом G a/a наиболее скороспелы и имеют наименьшую толщину шпика, но, к сожалению, в нашем стаде они встречаются лишь в 1% у свиноматок. Наибольший выход мяса из туш наблюдается у свиней с генотипом G в/в, наличие которого в Катунском типе порядка 53-73% [3].

В стаде свиней доля генотипа -/- в локусе H составляет 43% у свиноматок и хряков. А животные с генотипом H a/a, являющиеся, по данным В.Н. Кисленко (1986), наиболее стрессоустойчивыми, отсутствуют совсем [4].

## ЖИВОТНОВОДСТВО

Из-за высокой концентрации аллеля Fb в стаде высока относительная доля генотипа b/b в локусе F - 96,2-97,3%. То же самое наблюдается в локусе D.

Система групп крови K показывает, что более приспособленными к факторам среды в хозяйстве оказались свиноматки с генотипом K -/-, доля которых в стаде достигла 73%.

Таблица

*Частота встречаемости отдельных генотипов в стаде свиней Катунского типа*

Система групп крови, генотип	По хрякам, %	В том числе по линиям				По свиноматкам, %
		Драчуна	Самсона	Секрета	Сталактита	
Кол-во животных, гол.	37	5	11	8	13	135
<b>A</b>						
a/-	35	60	45,5	37,5	15,4	16
-/-	35	40	36,4	25	38,5	36
o/-	30	-	18,2	37,5	46,1	10
cp/-	-	-	-	-	-	21
cp/a	-	-	-	-	-	17
<b>B</b>						
a/a	100	100	100	100	100	100
<b>G</b>						
a/b	43	20	27	63	54	<b>46</b>
b/b	57	80	73	37	48	53
a/a	-	-	-	-	-	1
<b>H</b>						
-/-	43	100	36	12,5	46	43
a/-	57	-	64	87,5	54	29
b/-	-	-	-	-	-	14,8
a/b	-	-	-	-	-	13,2
<b>F</b>						
a/b	2,7	-	-	-	7,6	3,7
b/b	97,3	100	100	100	92,3	96,2
<b>D</b>						
a/b	5,4	-	9,1	12,5	-	8,1
b/b	94,6	100	90,9	87,5	100	91,9
<b>K</b>						
a/-	51	60	45,5	37,5	61,5	26
-/-	49	40	54,5	62,5	38,5	73
o/-	-	-	-	-	-	1
<b>E</b>						
aeg/aeg	5,4	20	-	12,5	-	12
aeg/bdg	35,2	40	55	12,5	31	12
aeg/edg	10,8	-	18	25	-	-
aeg/edf	2,7	-	-	12,5	-	3
aeg/bdf	-	-	-	-	-	3
bdg/bdg	-	-	-	-	-	10
bdg/edg	29,7	40	9	25	46	17
bdg/edf	8,1	-	-	12,5	23	11
edg/edg	8,1	-	18	-	-	31
edg/edf	-	-	-	-	-	2
<b>L</b>						
adhi/bcgi	24	40	18	12,5	30,7	18
adhi/bcfi	22	-	45	12,5	15	3
adhi/bdfi	30	20	18	50	31	5
bcgi/bdfi	22	40	9	25	23	33
bcgi/bcgi	-	-	-	-	-	39
bdfi/bdfi	2	-	9	-	-	2
Всего генотипов в 9 системах крови	25	15	21	22	19	35
Уровень гетерозиготности стада, %	60	69	56	54	51	61

У хряков сложилась равновесная ситуация с численностью генотипов К а/- и К -/- (50%).

Наиболее показательными при анализе связи групп крови с продуктивностью в каждом конкретном стаде являются локусы Е и L.

По системе групп крови Е ситуация по хрякам и свиноматкам совершенно разная. У свиноматок наибольшее число особей с генотипом Е edg/edg - 31%, а среди хряков с генотипом Е aeg/bdg и bdg/edg - 35,2 и 29,7%. У хряков полностью отсутствуют традиционные генотипы aeg/bdf, bdg/bdg, edg/edf. Наблюдается различие и в генетическом составе локуса Е среди линий хряков. У хряков линии Драчуна имеется только три генотипа (aeg/aeg, aeg/bdg и bdg/edg) с долей двух последних в 40%. Хряки линии Самсона имеют четыре генотипа с наибольшей долей генотипа aeg/bdg - 55%. В линии Сталактита три генотипа (aeg/bdg, bdg/edg и bdg/edf) с наибольшей долей генотипа bdg/edg - 46%.

Генетически разнообразна в локусе Е линия Секрета. Структура генотипа хряков этой линии наиболее близка к структуре генотипов свиноматок. В данной линии в указанном локусе встречается всего 6 генотипов, но по численности преобладают следующие: Е aeg/edg, Е bdg/edg - 25%. Остальные генотипы равновесны - 12,5%.

У домашних животных в локусе Е обнаруживается 17 аллелей и только 4 аллеля «дикого типа», одна из них аллель Е edg. Аллель Е edf, наоборот, всегда связывают с повышенной жизнеспособностью молодняка и относят к желательным. В Катунском типе среди хряков и свиноматок носителей гена Е edg - около 48%, а гена Е edf - 10,8-16% соответственно.

По данным В.А. Бекенева (1998), по скороспелости и стрессустойчивости к модельному генотипу для популяции крупной белой породы Сибири можно отнести животных с набором генов bdg/bdg, aeg/aeg в локусе Е [5].

В анализируемой генетической структуре данные гены немногочисленны - 5,4-12%, а гомозиготы bdg/bdg среди хряков отсутствуют совсем.

По результатам многих научных исследований почти всегда лучшие показате-

тели продуктивности имеют животные, гомозиготные по локусу Е.

По состоянию на 2002-2003 гг. в стаде племзавода среди свиноматок выявлено особей, гомозиготных по локусу Е, - 53%, а среди хряков - 12,5%. В целом особи с желательными генотипами в данном локусе составляют в стаде 22,0 и 5,4% соответственно.

По локусу L генотипическое разнообразие у хряков и маток примерно одинаковое. Однако весовые коэффициенты генотипов разные. У хряков доли генотипов практически равны 22-30%, и у них отсутствует генотип bсgi/bсgi, а доля генотипа bdfi/bdfi - 2,7%. У свиноматок резко выделяются по численности генотипы bсgi/bсgi (39%) и bсgi/bdfi (33%), остальные генотипы занимают 2-18% от общего числа.

В разрезе линий по генетическому разнообразию в локусе L выделяются хряки линии Драчуна, как самая генетически бедная линия (3 генотипа), и хряки линии Самсона (5 генотипов), как самая генетически богатая группа. По локусу L наиболее схожи между собой хряки линии Секрета и Сталактита, но у первых в популяции значительно больше генов L adhi/bdfi - 50%. У хряков линии Самсона выделяется по численности генотип L adhi/bcfi, а у хряков линии Драчуна — генотипы L bсgi/bсgi и adhi/bcfi (по 40%).

В стаде свиней Катунского типа к настоящему времени выделяется 41% гомозиготных маток, причем 39%, гомозиготных по аллели L bсgi. Среди хряков только 2,7% гомозигот L. Однако носителей генотипа, содержащего ген L bсgi, среди хряков 44%, а среди свиноматок - 71%. Носителей нежелательного гена L bdfi среди хряков - 58%, среди свиноматок — 40%; гомозиготных по этому гену — 2-4%.

Общий уровень гетерозиготности стада оказался несколько выше среднего - 61%. Это говорит о наличии резерва в селекционном совершенствовании стада при чистопородном разведении. Анализ гетерозиготности хряков в линиях показывает, что стадо хряков в целом достаточно однородно с коэффициентом в разрезе линий - 51-56%. Особняком стоит заводская линия Драчуна, где при небольшом в настоящий момент количестве хряков, высока сте-

пень их гетерозиготности - 69%, причем три хряка в линии имеют уровень этого показателя в пределах 88-89%.

При сравнении частоты встречаемости отдельных генотипов в стаде свиней за 20 лет можно отметить, что в локусе А у хряков произошло вымывание генотипа  $sr/-$ , но появились генотипы  $a/-$  и  $o/-$ , которые в 80-х годах в стаде свиней ГПЗ «Катунь» не встречались. Возможно, данные гены были завезены в процессе создания Катунского типа свиней.

Что касается локуса G, то генотип  $a/v$  в 80-е годы не встречался, но в настоящее время он не выявлен только в линиях хряков Самсона и Сталактита, а в линиях Драчуна и Секрета он теперь присутствует.

По системе крови D за 20 лет существенных изменений не произошло, лишь снизилось количество носителей генотипа  $a/v$  в 2,4 раза по свиноматкам и 1,1 раза по хрякам.

Локус K приобрел генотип  $a/-$ , который присутствует в линии хряков Сталактита. В целом по стаду в этом локусе обнаружены генотипы  $-/-$  и  $o/-$ . Надо отметить, что произошло вымывание из локуса таких генов, как  $ac/ac$ ,  $ase/v$ ,  $v/v$ .

Из 12 генотипов по локусу E в 1982 г. к настоящему времени у хряков сохранилось только 7, то есть 58%, а из 3 генотипов в локусе G — только 2, то есть 67%.

Количество гомозиготных аллелей по локусам E в общей структуре стада снизилось с 25,7 до 13,5%, т.е. в 1,9 раза по хрякам, и возросло до 53%, или в 2 раза по свиноматкам. Однако в последнее время мы имеем в доле гомозигот 31% адаптивных генотипов E  $edg/edg$ .

В линии Самсона не обнаружено генотипа  $aeg/aeg$ , его количество у свиноматок снизилось в 1,7 раз. В линии Драчуна и Самсона появился генотип  $aeg/bdg$ , а в линии Сталактита и у свиноматок произошло вымывание генотипа  $aeg/edg$ . Не наблюдается сочетания аллелей  $aeg/edf$  у животных линии Драчуна и Самсона, но зато он появился в линии Секрета. Аналогичная картина с го-

мозиготой  $bdg/bdg$ . Ее не найдено в целом по стаду хряков при значительном снижении встречаемости у маток.

Претерпел изменения генотип  $bdg/edg$ , он появился в линии Секрета и Сталактита; генотип  $bdg/edf$  наблюдается как у свиноматок, так и у хряков линии Сталактита;  $edg/edg$  отсутствует у хряков линии Драчуна и Секрета, но обнаружен в линии Самсона. Генотип  $edg/edf$  не встречается у хряков стада, а остался лишь у свиноматок.

### **Заключение**

В целом следует отметить, что генетическая структура стада остается достаточно ценной, но наблюдается тенденция изменения генотипа в сторону генетической неперспективности из-за наметившегося процесса накопления генов и генотипов адаптивного непродуктивного характера (особенно в открытых локусах E и L).

### **Библиографический список**

1. Сухова Н.О. Использование иммуногенетического анализа в племенном свиноводстве: методические рекомендации / Н.О. Сухова, Г.Л. Дмитриева, Н.М. Набродова. Новосибирск: СО РАСХН, 1987. 59 с.
2. Шадманов С.И. Методические указания по определению групп крови и их использованию в селекционно-племенной работе / С.И. Шадманов, С.Ш. Кабилов, К. Ахмедов, М.Т. Усманов. Ташкент: Госагропром, 1987. С. 23-24.
3. Сердюк Г.Н. Иммуногенетические маркеры и их использование для повышения эффективности селекции свиней: автореф. дис. д.б.н. / Г.Н. Сердюк. СПб.; Пушкин: ВНИИРГЖ, 2000. 55 с.
4. Кисленко В.Н. Практическое использование достижений иммунологии в животноводстве / В.Н. Кисленко. Новосибирск: НСХИ, 1986. С. 48-50.
5. Бекенев В.А. Селекция свиней / В.А. Бекенев / РАСХН. Сиб. отд-ние. Новосибирск, 1997. 184 с.

