

ГЕНЕТИЧНО ДЕТЕРМІНОВАНІ ПАТОЛОГІЇ РОЗВИКУ У СВИНЕЙ ЯК ПРЕДМЕТ ГЕНЕТИЧНОГО МОНІТОРИНГУ ЇХ ПОПУЛЯЦІЙ

П. П. Джус

Інститут розведення і генетики тварин НААН

Інноваційні розробки в галузі генетики докорінно змінили погляди на діагностування спадково зумовлених морфологічних і функціональних патологій розвитку організму сільськогосподарських тварин, створили можливість підвищувати ефективність селекційної роботи на основі розведення тварин, резистентних до інфекційних та вірусних захворювань. Проте відправною точкою сучасних молекулярно-генетичних досліджень з питань генетично детермінованих аномалій і спадкової схильності до певних захворювань у свійських тварин були та залишаються фундаментальні роботи, проведені спільними зусиллями провідних ветеринарів, генетиків, цитологів, вірусологів XVIII–XX століть (Стормант, 1958; Візнер Е., 1979; Петухов В. Л., 1989; Коновалов В. С., 1991).

Наразі організація моніторингу наслідків генетичної дестабілізації організму сільськогосподарських тварин є нагальною потребою тваринництва України. Адже посилення негативного впливу факторів мутагенної природи на тварин створює такі умови їх існування, за яких індукується експресія генів, що несуть інформацію про ознаки з небажаним фенотипічним проявом. Рецесивні гени, асоційовані з морфологічними і функціональними аномаліями розвитку, при зміні поколінь, виводяться в гомозиготний стан і виступають першоджерелом виникнення спадково зумовлених хвороб. Нелетальні мутаційні зміни генетичного матеріалу гамет накопичуються в популяції, створюючи тим самим певний рівень генетичного вантажу, зростання якого, провокується інтенсивним використанням біотехнологічних методів у відтворенні.

Проблема оцінки генетичного вантажу спадкових патологій особливо відчутна в популяціях багатоплідних тварин, зокрема свиней. Оскільки видатні родоначальники ліній і родин різних порід досить часто виявляються гетерозиготними носіями летальних та напівлетальних генів, що визначають формування патологічного фенотипу у їх потомків. Відсутність генетичного тестування племінних тварин призводить до швидкого поширення успадкованих мутацій і тих, які виникають *de novo*, за рахунок інтенсивного використання генетичного матеріалу обмеженої кількості плідників у результаті популяризації штучного осіменіння.

З метою розрахунку генетичного тиску в популяціях свиней нами проведено виявлення спектру та частот генетично детермінованих патологій розвитку у поросят порід велика біла і ландрас.

Базовим матеріалом для дослідження стали результати спостережень за опоросами, які проводилися на свинокомплексах Київської області впродовж 2010–2011 років.

Всього було досліджено 4389 опороси, в т. ч. 3648 – у свиней великої білої породи і 741 – у свиней породи ландрас.

Для розширення інформативності отриманих даних використано зоотехнічний і ветеринарний облік племінних тварин, індивідуальні картки бонітування свиноматок форма № 2-св і кнурів форма № 1-св, а також електронну базу оцінки продуктивності кнурів за відтворювальною здатністю запліднених свиноматок.

Згідно з результатами за досліджені роки спостерігали шість генетично детермінованих патологій розвитку: товстоногість, атрезію анального отвору, гермафродитизм, м'язову дистрофію, полідактилію і сіамських близнюків. Полідактилія була характерна лише для свиней великої білої породи.

Найбільшу частку від загальної кількості аномалій склала м'язова дистрофія. У свиней великої білої породи вона становила 52,53 %, у свиней породи ландрас – 57,58 % від загальної кількості тварин з патологіями. Значний відсоток припадав на товстоногість (слонові ноги). Для ландрасів – 30,3 %, для великої білої – 14,39 %. Найменшу частку склала полідактилія, яка за досліджений період була зафіксована всього двічі, що становить 1,44 % від загальної кількості тварин з патологіями. Щодо сіамських близнюків то їх частка склала 1,44 % для породи велика біла і 1,52 % для породи ландрас. Наприклад, за даними В. П. Вертелецького серед жителів Рівненської області частота сіамських близнюків становить 0,62 %. У Європі вона дорівнює 0,18 %.

При спостереженні за опоросами зафіксовано такі генетично зумовлені патології сечостатевої системи, як атрезія анального отвору і гермафродитизм. У свиней великої білої породи вони становили 7,91 % і 22,3 %, у тварин породи ландрас – 7,58 % і 3,03 % відповідно.

При розрахунку частот прояву аномалій розвитку у свиней двох порід визначали рівень генетичного вантажу. Так, для свиней породи велика біла генетичний тиск у розрізі років становив 0,41 %, для тварин породи ландрас – 0,84 %. Генетичний тиск у досліджених субпопуляціях є меншим одного відсотка. Це свідчить про низькі обтяженість популяції генетичними аномаліями та концентрацію алелів летальних і напівлетальних генів.

У розрізі лінійної приналежності на основі генеалогічного аналізу виявлено потенційних носіїв генів, що асоційовані з фенотипічним проявом патологій. За нашими рекомендаціями тварини-носії вибраковані з племінного ядра, а отримані від них потомки переведені з племрепродуктора до товарного стада на відгодівлю.

Загалом, врахування результатів статистичного обліку генетично детермінованих патологій розвитку при лінійному підборі дасть можливість контролювати рівень генетичного тиску і виступатиме одним із заходів попередження поширення та концентрації мутаційно змінених генів у популяціях свиней.