

ВИЗНАЧЕННЯ ГЕНОТИПУ КРОЛІВ НОВОЗЕЛАНДСЬКОЇ БІЛОЇ ПОРОДИ ЗА ЛОКУСОМ МІОСТАТИНУ

*Є. А. Шевченко, К. В. Копилов**

Черкаська дослідна станція біоресурсів Інституту розведення і генетики тварин НААН

**Інститут розведення і генетики тварин НААН*

Поряд з традиційним селекційним напрямком добору кролів за фенотипом, на основі морфометричних показників, для вирішення генетико-селекційних завдань широкого використання набувають молекулярно-генетичні маркери. Вони дозволяють швидше і надійніше ідентифікувати генотип тварин та сприяють ефективній генетичній оцінці популяцій. Використання поліморфізму ДНК прискорює ідентифікацію генів, які приймають участь у формуванні кількісних та якісних ознак у кролів. Слід зазначити, що генетичні маркери є незамінним матеріалом для встановлення діапазону популяційної та видової мінливості, вивчення філогенезу, ступеня генетичної схожості і подальшої мікроеволюції різних порід.

Швидкий розвиток маркер-асоційованої селекції (MAS – marker assisted selection) дає змогу проводити оцінку за більшою кількістю молекулярно-генетичних маркерів, спрощує пошук нових маркерів та аналіз їх функцій в геномі кролів, а також можливий зв'язок з господарськи корисними ознаками. Успішна розробка міжнародного проекту з вивчення геному кроля дала можливість картувати 30 з 32 пар хромосом.

Дані ФАО свідчать, що в кролівництві раціональне використання та збереження генетичних ресурсів шляхом ведення систематичного генетичного моніторингу є актуальним завданням. Регулярне генетичне тестування порід і популяцій кролів робить можливим вивчення біологічного різноманіття, що необхідно при здійсненні заходів, спрямованих на оцінку і збереження генофонду цього виду сільськогосподарських тварин.

Серед локусів кількісних ознак кролів (QTL – quantitative trait loci) особливої актуальності набуває пошук молекулярних маркерів, які асоційовані із м'ясною продуктивністю. На даний час у геномі кроля виділено два генетичні маркери, які приймають участь у формуванні м'ясної продуктивності: гормон росту і міостатин. Ген міостатину (MSTN) характеризується розміром послідовності у 80 пар нуклеотидів (п. н.). У ньому присутня мутація С-Т в 34 позиції, що сприяє утворенню різних алельних варіантів.

Дослідження проводили на поголів'ї кролів новозеландської білої породи (n=60), які утримувалися в умовах кролеферми СГПП «Марчук Н. В.» (с. Ташлик Смілянського району Черкаської області). Кров відбирали з вушної вени в поліетиленові пробірки «Еппендорф» (по 1 мл), що містили 200 мкл 3,8%-го розчину цитрату натрію. Геномну ДНК з крові виділяли за стандартною методикою, використовуючи набір «ДНК-сорб

Б» («Амплісенс», Росія) за рекомендаціями виробника. Дослідження проводили методом ПЛР-ПДРФ з власними модифікаціями. Для ампліфікації локусу міостатину використовували праймери:

MSTNF: 5'- TAA CTG AAA AGA ACC CTC TAG TAG C – 3'

MSTNR: 5'- TCG GTA GTT GTT TCC CAC TTT - 3'

М'ясна продуктивність кролів визначалась згідно «Інструкції з бонітування кролів».

В дослідженій популяції кролів новозеландської білої породи за локусом міостатину спостерігали наступний розподіл генотипів. Найбільшу частку склали тварини з генотипом ТТ – 0,450. Частота тварин з генотипом СТ становила 0,370, гомозигот за алелем С – 0,180. В розрізі генетичної структури найбільшу частоту склав алель С – 0,530. Це свідчить про певний тиск проведеного добору.

В результаті аналізу відмічено зміщення генетичної рівноваги за усіма дослідженими генотипами тварин ($p < 0,001$).

Щодо ступеня гетерозиготності за локусом міостатину, то нами виявлено наступні особливості. Фактична гетерозиготність (H_o) для гетерозиготного генотипу СТ становила 24, для гомозиготного генотипу СС – 29 і ТТ – 7. Теоретично очікувана гетерозиготність (H_e) мала дещо іншу картину розподілу: для генотипу СТ вона склала величину 28, а для генотипу СС і ТТ – 26 і 6 відповідно.

В якості ознак продуктивності кролів, на які визначався вплив генотипів за геном MSTN, були показники середньодобових приростів, маса парної тушки та витрата корму на одиницю приросту.

Проведений однофакторний дисперсійний аналіз дозволив виявити високу частку впливу бажаного алелю Т за геном MSTN на рівень середньодобових приростів та маси парної тушки, які відповідно склали $\eta = 0,55$ ($p < 0,05$) та $\eta = 0,40$ ($p < 0,05$). Частка впливу алелю Т на рівень затрат корму на 1 кг приросту (60-120 днів) виявилася недостовірною.

Таким чином, проведений аналіз поліморфізму локусу MSTN у кролів доцільно використовувати при проведенні селекційної роботи з метою збільшення кількості тварин в популяції з бажаним генотипом за геном міостатину.