

71. Совершенствование методики внутрилинейного подбора в свиноводстве на основе генотипической конструкции линий и оценки их сочетаемости //Отчет о НИР за 2014 г (ФГБОУ ВПО Донской Государственный Аграрный Университет (ДГАУ))

РАЗРАБОТЧИК: ФГБОУ ВПО ДГАУ (Российская Федерация, 346493, Ростовская обл, Октябрьский р-н, Персиановский п Тел. +7 (86360) 35450. Факс +7 (86360) 35450. Электронная почта dgaubuy@yandex.ru)

В процессе формирования зоотехнической науки было разработано много моделей и методов, которые позволяют в отдельных случаях успешно решать теоретические и практические задачи генетики и селекции. Однако в практике свиноводческих предприятий нашей страны их используют недостаточно. Одним из неохваченных направлений остаётся разработка автоматизированных систем и программ учёта, обработки, хранения и передачи информации. Такое программное обеспечение должно содержать новые методы оценки племенной ценности животных, способствовать повышению эффективной работы предприятия. В связи с этим возникает необходимость провести совершенствование метода внутрилинейного подбора с включением дополнительной информации (многолетние данные по родословным), с трансформацией данных о продуктивности и оценки генотипа.

На первом этапе исследований проведены следующие работы:

1. Разработана программа выгрузки информации из базы данных КП АСС. В 2015 г. планируется провести заключительную отладку программы.
2. Разработана программа Инбридинг, позволяющая рассчитать коэффициент инбридинга. Программа успешно прошла апробацию на предприятиях АПХ «Мираторг». Получено авторское свидетельство.
3. Составлен алгоритм построения генеалогических схем. В 2015 г. планируется разработать первую версию программы.
4. Проведен анализ родословных популяций свиней отечественной и зарубежной селекции. Выделены родственные группы и проведено разделение на 4 ветви в каждой линии. Селекционным службам для дальнейшей работы со стадами свиней предложены графические схемы.
5. Начаты работы подготовительного этапа разработки компьютерной программы отбора животных по результатам ДНК-генотипирования с привязкой к схемам внутрилинейного подбора по ветвям.
6. Составлен алгоритм анализа комбинационной способности линий на основе ДНК-маркеров. В 2015 г. планируется разработка первой версии программы.
7. Разработана программа «Пирамида», позволяющая проводить расчёт необходимых производственных показателей для свиноводческих предприятий различной мощности. Рассчитывается необходимое поголовье прародительского, родительского стада и др. Подана заявка на получение авторского свидетельства в 2014 г.
8. Разработана программа «Pig Track» расчёта графика завоза ремонтного молодняка. Получено авторское свидетельство.

Проведенный генеалогический анализ свиней МП «Совхоз Шелонский» Псковской области выявил 10 линий хряков зарубежной селекции. Йоркширская порода, линии: Кинг Арни, Айсмен, Верд-ай-Даун, Бентом (Канада). Йоркширская порода, линии: Скут, Мах, Верд-ай-Дау (Австрия).

Подробный анализ по родственным группам показал, что закупленные хряки использовались для улучшения продуктивных показателей существующих в стаде линий: Драчуна, Свата, Самсона, Леопарда.

Хряки канадской селекции (Кинг Арни 961R использовался в линии Леопарда 311, Айсмен 491106R и Кинг Арни 1001R в линии Драчуна 409, Бентом 1062R в линии Самсона) для повышения многоплодия, увеличения сохранности и скорости роста поросят.

Хряки австрийской селекции (Верд-ай-Даун в линии Свата), родственной группы Свата 7683 и Свата 8879.

Подробный анализ родословных и показателей продуктивности популяций свиней ЗАО «Племзавод-Юбилейный» Тюменской области указывает на необходимость разработки и применения более сложных и более точных методов оценки, а также пропорциональности включения в нее отцовских и материнских признаков отбора. Существует большое количество методов оценки племенных качеств животных: по фенотипу, собственной продуктивности, по происхождению, по боковому родству, по потомству. Однако в практических условиях оценка генотипа животных, как правило, проводится по собственной продуктивности, необходимо использовать новые ДНК-технологии и программное обеспечение для оценки, что повышает ее точность.

Установлен характер влияния методов оценки племенных качеств животных на эффективность племенного отбора. Так эффективность отбора по матерям в 2 раза меньше, чем оценка по собственной продуктивности, оценка по комбинации С+П/С при $h^2=0,3$ $n_c=5$ и $n_{п/с}=20$ по эффективности в 9 раз выше, чем оценка по собственной продуктивности, а при оценке по полусибсам при $h^2=0,3$ и $n_{п/с}=50$ по эффективности в 8 раз больше, чем оценка по собственной продуктивности.

Таким образом, назрела необходимость разработки современных оптимальных методов и способов оценки племенных качеств животных. Генетико-математические модели открывают возможность дальнейшего совершенствования методов с включением большого объема информации. Особое внимание следует уделить рациональному использованию богатейших возможностей, предоставляемых современными ЭВМ и системами программного обеспечения, при создании компьютерных программ. Автоматизация селекционного процесса требует новых методов оценки генотипа с.-х. животных. Современный уровень развития вычислительной техники и программирования обеспечивает доступность и простоту использования компьютерных программ оценки племенной ценности животных.

Выводы

1. Исследовательская работа показала различную географию поставляемого ремонтного молодняка. Только в два хозяйства РФ за период с 2004 г. по 2013 г. были завезены животные из Дании, Канады, Англии, Австралия.
2. Анализ родословных выявил многообразие и неоднородность животных по степени породности, степени родства, уровню продуктивности. Селекционные программы разных стран имеют различные цели и совершенствуют животных в разных направлениях.

3. Генеалогический анализ позволил выделить родственные группы животных, в каждой породе. Для консолидации пород применён метод внутрилинейного разведения. Проведено деление линий на ветви.
4. Для контроля за консолидацией линий определена частота встречаемости аллеля G гена MC4R у свиней КБ, ландрас и гибридов ЛхЙхД. Которая составила 0,19; 0,60 и 0,40 соответственно; а генотипов AA, AG, GG у свиней КБ - 64,4; 33,9; 1,7; у ландрас - 0; 80; 20, у гибридов ЛхЙхД – 25; 70; 5%.
5. Установлено влияние полиморфизма гена MC4R на откормочные и мясные качества свиней. Для селекции по откормочным и мясным качествам «желательным» является генотип AG. Свины КБ генотипа AG отличаются лучшей скороспелостью на 5,35 дн. (3,16%) , среднесуточным приростом на 82,3г (9,9%), меньшими затратами корма на 0,13 к.ед. (на 4,16%) по сравнению с генотипом AA. Трехпородные гибриды генотипа AG отличаются меньшей толщиной шпика на 3,2 мм (13,2%), большей массой задней трети полутуши на 0,4 кг (3,45%); площадью «мышечного глазка» на 5,3 см² (10,5%) по сравнению с генотипом AA.
6. Установлено, что при учете влияния генотипов одновременно по двум генам POU1F1 и IGF2 достоверность влияния генетической составляющей значительно повышается. «Желательным» является генотип CDQQ. Свины этого генотипа отличаются от аналогов других генотипов лучшей скороспелостью на 6,2 - 10,8 дн. (3,7-6,2%), среднесуточным приростом на 32,0 - 82,3 г (4-10,2%), меньшей толщиной шпика на 2,2 – 2,85 мм (9,3-11,75%) и затратами корма на 0,05 – 0,13 корм. ед.(1,63-4,13%).
7. Разработан алгоритм совершенствования методики внутрилинейного подбора с учётом информации о родословной и ДНК-маркерах. Планируется разработка программы «Генетический анализ».
8. Внедрение новых методов оценки животных, может дать объем дополнительной прибыли (в расчете на 1 свиноматку), полученной за счет использования ДНК-маркеров в размере 15885,28 руб.

Предложения производству

1. Проводить оценку степени родства с помощью программы ИНБРИДИНГ.
2. Расчёт производственных показателей проводить с помощью программы ПИРАМИДА. Программа позволяет рассчитать объемы производства и реализации на конкретную численность населения. Программа использована для расчёта мощностей предприятий на региональном уровне.
3. В селекционной работе пользоваться составленными генеалогическими схемами.
4. Для каждой породы внедрено внутрилинейное разведение по линиям. Выделены линии и проведено закрепление за хряками-производителями маточного поголовья.
5. В селекции на улучшение репродуктивных, откормочных и мясных качеств рекомендуется использовать ДНК-диагностику свиней по генам MC4R, IGF2, POU1F1 в качестве дополнительного критерия отбора и подбора животных.
6. Использовать в системе селекции свиней в ЗАО «Племзавод-Юбилейный» отбор хряков – производителей с генотипом QQ по гену IGF2, для повышения откормочных качеств у потомства.
7. Закрепить у свиноматок КБ генотип CC по гену POU1F1 для повышения воспроизводительных качеств и передачи потомству «желательного» аллеля C.

8. Формировать специализированные линии для получения племенных животных с гомозиготными генотипами AA и GG по гену MC4R (для 100% наследования желательного аллеля).

Источник: Отчет о НИР за 2014 г (ФГБОУ ВПО ДГАУ»)

За дополнительной информацией обращайтесь по электронной почте agro-iks@mcs-consult.ru (ФГБОУ ДПО «ФЦСК АПК»)

Материал подготовлен Шиловой Е.П.