

Геном свиньи

Ученые из Иллинойского университета сообщили о завершении расшифровки генома домашней свиньи. Рыжий боров породы Дьюрок из подсобного хозяйства университета пополнил растущий список животных, чей геном стал достоянием научного сообщества. Собеседник "Правды.ру" доктор биологических наук Олег Кропоткин считает, что это открытие позволит решить ряд проблем в медицине, сельском хозяйстве и теории эволюции.

"Свинья – уникальное животное. Она является не только источником пропитания для человека, но и животной моделью для исследования болезней людей, – говорит руководитель исследования профессор биомедицинских наук Ларри Шук. К тому же это одно из немногих животных, которое можно встретить и в дикой природе, и в домашнем хозяйстве, что позволяет сравнить их и изучить на уровне генома изменения в организме, вызванные процессом одомашнивания".

Дьюрок – одна из пяти самых распространенных пород домашних свиней на Земле, разводимых на убой. Всего же в мире насчитывается более двухсот различных пород свиней, существующих в хозяйстве человека – в том числе и декоративных. В расшифровке генома домашней свиньи приняли участие ученые из одиннадцати стран мира, работающих в различных центрах исследования генома.

Иллинойский университет стал своеобразной штаб-квартирой проекта, где аккумулировались и обрабатывались все полученные данные. В настоящее время биологи раскрыли 98 процентов генома, что позволяет говорить о том, что проект удачно завершился. Оставшиеся части генетического кода представляют некоторую сложность для ученых и, скорее всего, будут расшифрованы позднее. "Когда мы начинали составлять карту свиного генома двадцать лет назад, лишь некоторые из нас верили, что мы все же дойдем до конца и получим такие подробные сведения об этом животном, – говорит Алан Арчибальд, профессор института Рослина Эдинбургского университета. – Сейчас мы можем ответить на множество вопросов о происхождении и анатомии свиней".

Мнение о том, что расшифровка генома домашних свиней очень важна для целого ряда научных областей, высказывает доктор биологических наук Олег Кропоткин из Института математических проблем биологии РАН. "Известно, что свинья является самым похожим на человека созданием на Земле. Нас объединяет много общих физиологических черт, равно как и похожие потребности в нутриентах. Такое сходство не может быть незначительным. Многие болезни, от которых страдают свиньи, могут передаваться человеку и наоборот. К тому же свиньи могут быть использованы для исследования в области заболеваний сердечно-сосудистой иммунной системы, гастроэнтерологии, пульмонологии.

Найти более подходящую биомедицинскую модель человека просто невозможно. Конечно, есть у полученного генома и множество других направлений применения.

Например, можно изучать влияние на здоровье подопытных свиней продуктов из разных пищевых групп и на основании этого делать выводы об их пользе или вреде. Свиньи идеально подходят для участия в исследованиях процессов старения, ведь у них старость проистекает практически так же, как и у людей. Совпадает у нас и ряд параметров поведения, что тоже немаловажно для науки.

И, разумеется, знание генетического кода позволит узнать больше об эволюционном процессе, заглянуть в далекое прошлое домашней свиньи. Нам известно, что дикие виды этого животного распространились по миру из Евразии, а их одомашнивание началось около пяти тысяч лет назад на Среднерусской возвышенности племенами трипольской культуры. Геном же может пополнить наши знания об этом животном виде, рассказать об истории его развития с древнейших биологических эпох".

Кроме несомненной научной пользы, проект принесет выгоду селекционерам и заводчикам, занимающимся свиноводством. Данные генома можно преобразовать в более практичную информацию, которая будет использована для работ по улучшению качества и вкуса свинины и по изменению свойств кожного покрова, ведь свинья – один из главных источников сырья для кожевенного производства.