УДК 636.4.082.11/.12

М.А. КОВАЛЬЧУК, А.И. ГАНДЖА, Н.В. ЖУРИНА, О.П. КУРАК, В.П. СИМОНЕНКО, Л.Л. ЛЕТКЕВИЧ, И.В. КИРИЛЛОВА

ДНК-ТЕСТИРОВАНИЕ СВИНЕЙ ПО ГЕНАМ MUC4, ECR F18/FUT1 И ИЗУЧЕНИЕ ИХ ПОЛИМОРФИЗМА

РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству»

Проведено ДНК-тестирование свиней по генам MUC4 и ECR F18/FUT1 методом ПЦР-ПДРФ. Объектом исследования являлись свиньи пород: белорусской крупной белой (БКБ), белорусской мясной (БМ), белорусской чёрно-пёстрой (БЧП), ландрас (Л), дюрок (Д) и йоркшир (Й), разводимые в племенных предприятиях республики. При молекулярно-генетическом тестировании был выявлен полиморфизм генов MUC4 и ECR F18/FUT1 у животных различных пород и половозрастных групп (хряки-производители, свиноматки, откормочный молодняк), представленный аллелями $MUC4^{C}$, $MUC4^{G}$ и ECR $F18/FUT1^{A}$, ECR $F18/FUT1^{G}$, и идентифицированы генотипы: $MUC4^{CC}$, $MUC4^{CG}$, $MUC4^{GG}$, ECR $F18/FUT1^{AA}$, ECR $F18/FUT1^{GG}$ и ECR $F18/FUT1^{AG}$. Анализ генетического тестирования по гену MUC4 показал, что устойчивой к эшерихиозу является порода дюрок, все животные имели предпочтительный генотип $MUC4^{CC}$ – без мутации. По остальным породам и породному сочетанию концентрация генотипа $MUC4^{CC}$ составила: белорусская чёрно-пёстрая – 53,1 %, белорусская мясная – 56,9 %, БМ х Л – 63,3 %. Изучение генетической структуры пород в среднем по гену ECR F18/FUT1 показало, что наименьшая встречаемость животных с устойчивым генотипом ECR $F18/FUT1^{AA}$ отмечалась у популяций породы: йоркшир – 1,6 %, белорусской чёрно-пёстрой – 2,0 %, ландрас – 4,5 %, а наибольшая частота встречаемости генотипа ECR $F18/FUT1^{AA}$ наблюдалась у популяций породы дюрок – 10,3 % и у животных породного сочетания БМхЛ – 12,5 %.

Ключевые слова. ДНК-тестирование, свиньи, породы, селекционно-гибридные центры, полиморфизм, хряки-производители, свиноматки, откормочный молодняк, генотипы, концентрация, частота, аллель, структура, маркеры, селекция.

M.A. KOVALCHUK, A.I. GANDZHA, N.V. ZHURINA, O.P. KURAK, V.P. SIMONENKO, L.L. LETKEVICH, I.V. KIRILLOVA

DNA-TESTING OF PIGS BY MUC4 AND ECR F18/FUT1 GENES AND STUDY OF POLYMORPHISM

RUE «Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus on Animal Husbandry»

DNA-testing was conducted by porcine MUC4 gene and ECR F18/FUT1 gene by PCR-RFLP method. The object of research was pigs of the following breeds: Belarusian Large Whites (BLW), Belarusian Meat (BM), Belarusian black-motley (BBM), Landrace (L), Duroc (D) and Yorkshire (Y), bred in the breeding enterprises of the republic. At the molecular genetic testing gene polymorphism of MUC4 and ECR F18/FUT1 genes was determined with animals of different breeds and sex and age groups (boars-producers, sows, young animals at fattening), represented by alleles $MUC4^{C}$, $MUC4^{G}$ and ECR $F18/FUT1^{A}$, ECR $F18/FUT1^{G}$, and

the following genotypes were identified: $MUC4^{CC}$, $MUC4^{CG}$, $MUC4^{GG}$, ECR $F18/FUT1^{AA}$, ECR $F18/FUT1^{GG}$ and ECR $F18/FUT1^{AG}$. Analysis of genetic testing by MUC4 gene showed that Duroc breed is resistant to colibacillosis, all animals had preferred genotype $MUC4^{CC}$ – without mutations. For other breeds and breed combination the $MUC4^{CC}$ genotype concentration was: Belarusian black-motley – 53.1 %, Belarusian meat – 56.9 %, BM x L – 63.3 %. The study of genetic structure of breeds in average by ECR F18 / FUT1 gene showed that the lowest frequency of animals with resistant ECR $F18/FUT1^{AA}$ genotype was observed in populations of the following breeds: Yorkshire – 1.6 %, Belarusian black-motley – 2.0 %, Landrace – 4.5 %, and the highest frequency of genotype ECR $F18/FUT1^{AA}$ was observed in populations of Duroc breed – 10.3 %, and in animals of BM x L breed combination – 12.5 %.

Key words: DNA-testing, pigs, breeds, breeding and hybrid centers, polymorphism, boars, sows, young animals at fattening, genotypes, concentration, frequency, allele, structure, markers, selection.

Введение. Резистентности сельскохозяйственных животных к наследственным и инфекционным заболеваниям уделяется большое внимание во всех странах мира с развитым животноводством. Учитывая, что отрасль свиноводства в Республике Беларусь отличается высокой концентрацией поголовья свиней на ограниченной территории, что обуславливает повышенную заболеваемость животных, в том числе и эшерихиозом, изучение данной проблемы является актуальным. Одним из перспективных путей совершенствования специфической профилактики наследственных и инфекционных заболеваний является проведение селекционных мероприятий, направленных на повышение генетической устойчивости животных к различным заболеваниям на основе ДНК-диагностики.

В качестве ДНК-маркеров генов рецепторов E. coli (ECR) рассматривают гены MUC4 и ECR F18/FUT1, ассоциированных с развитием колибактериоза и отечной болезни у поросят. В возникновении болезни главную роль отводят фимбриальным антигенам F4, F5, F6, F18, F41, благодаря им кишечные палочки прикрепляются к соответствующим рецепторам слизистой оболочки тонкого кишечника и защищаются от механического удаления перистальтикой. При благоприятных условиях бактерии размножаются в пищеварительном тракте, выделяя токсичные вещества, вызывающие развитие диареи и отечной болезни [1]. Наиболее распространены у энтеротоксичных штаммов E. coli фимбриальные антигены F4 и F18. E. coli с фимбриальными антигенами F4 являются причиной возникновения колибактериоза у поросят первых двух месяцев жизни, в то время как послеотъёмная диарея вызывается в основном E. coli с фимбриальными антигенами F4 и F18.

Известно, что локусы рецепторов E. coli F4 (ECR F4) находятся на 13-й хромосоме свиней и тесно сцеплены с геном муцина (MUC4), в связи с чем молекулярно-генетический тест по данному гену используется для идентификации устойчивых (рецессивный гомозиготный) и восприимчивых (доминантный гомозиготный и гетерозиготный) к ко-

либактериозу генотипов [2, 3].

Jorgensen C.B. и др. выявили неравновесие по сцеплению между полиморфизмом в седьмом интроне гена MUC4 и фенотипом, чувствительным к E. coli F4ab/ac [4]. Полиморфизм обусловлен мутацией G→C, при этом генотип $MUC4^{CC}$ является устойчивым, а генотипы $MUC4^{CG}$ и $MUC4^{GG}$ – восприимчивыми к эшерихиозу.

Зарубежными авторами Meijerink E. et al. было установлено, что ген, кодирующий ECR F18, сцеплен с геном альфа-1-фукозилтрансферазы (FUT1). В результате секвенирования гена FUT1 была выявлена точковая мутацию A→G в позиции 307, что позволило разработать косвенный молекулярно-генетический тест для диагностики устойчивого (ECR $F18/FUT1^{AA}$) и восприимчивых (ECR $F18/FUT1^{GG}$ и ECR $F18/FUT1^{AG}$) к колибактериозу генотипов [5].

Материал и методика исследований. Исследования проводились в 2010-2015 гг. в лаборатории молекулярной биотехнологии и ДНК-тестирования РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук по животноводству». Базовыми хозяйствами были: КСУП «СГЦ «Заднепровский» Витебской, КСУП «СГЦ «Западный» Брестской, ОАО «СГЦ «Вихра» Могилёвской, ОАО «СГЦ «Заречье» Гомельской, КСУП «Племзавод «Ленино» Могилёвской, ГП «Жодино-АгроПлемЭлита» Минской областей.

Объектом исследования для проведения генетического тестирования по генам MUC4 (n=893), ECR F18/FUT1 (n=1005) являлись свиньи пород и породных сочетаний: белорусской крупной белой (БКБ), белорусской мясной (БМ), белорусской чёрно-пёстрой (БЧП), ландрас (Л), дюрок (Д), йоркшир (Й), БМ х БКБ, БМ х Л.

Для изучения полиморфизма генов MUC4 и ECR F18/FUT1 у исследуемых животных были взяты биопробы ткани, спермы и крови, из которых выделена ДНК перхлоратным методом [6].

Генотипирование свиней по генам MUC4 и ECR F18/FUT1 проводили методом ПЦР-ПДРФ, при этом использовали олигонуклеотидные праймеры следующих последовательностей:

MUC4 F: 5´ - GTGCCTTGCCTGAGAGGTTA - 3´;

MUC4 R: 5´ - CACTCTGCCGTTCTCTTTCC - 3´;

ECRF18 F: 5´ - CGCCACCTCTGTCTGACCTT - 3´;

ECRF18 R: 5´ - AGGAGCGTGCCTGTCTACCTC - 3´.

Для проведения ПЦР использовали реакционную смесь объёмом 25 мкл, включающую: 100 нг ДНК, праймеры в количестве 25 пМ, по 200 мкМ каждого из дНТФ, 1х буфер (10 мМ трис pH 8,6, 50 мМ KCl, 0,1 % tween-20), 1,5 мМ $MgCl_2$ и 2,5 ед. акт. Taq-полимеразы.

ПЦР проводили в термоциклерах «DNA Engine Tetrad2», «MJ Mini» («Bio-Rad», США) по следующим программам:

- для гена MUC4: «горячий старт» при 94 ºС – 5 мин.; 30 циклов: денатурация при 94 ºС – 45 сек., отжиг при 63 ºС – 45 сек., элонгация при 72 ºС – 50 сек.; достройка при 72 ºС – 5 мин.;

- для гена ECR F18/FUT1: «горячий старт» при 94 ºС – 4 мин.; 35 циклов: денатурация при 94 ºС – 1 мин., отжиг при 65 ºС – 1 мин., синтез при 72 ºС – 1 мин.; достройка при 72 ºС – 8 мин;

Концентрацию и степень чистоты препаратов ДНК оценивали с использованием спектрофотометра GeneQuant 1300 (Healthcare).

Продукты ПЦР амплификации фрагментов генов MUC4 и ECR F18/FUT1 расщепляли рестриктазами XbaI и Hin61 соответственно.

Продукты амплификации и рестрикции разделяли электрофоретически в агарозном геле, окрашенном бромистым этидием. Фракции нуклеиновых кислот в гелях визуализировали в проходящем ультрафиолетовом свете с использованием компьютерной видеосистемы Infinity-3026 (Vilber Lourmat, Франция).

Результаты эксперимента и их обсуждение. ДНК-диагностика способствует быстрому выявлению животных, восприимчивых к эшерихиозу, что даёт возможность на ранних стадиях развития исключать таких подсвинков из дальнейшей селекции. Полиморфизм гена MUC4 был выявлен методом ПЦР-ПДРФ у различных пород и половозрастных групп животных (хряки-производители, свиноматки, откормочный молодняк). При молекулярно-генетическом тестировании диагностированы аллели: $MUC4^{C}$, $MUC4^{G}$ и идентифицированы генотипы: $MUC4^{CC}$ – устойчивый, $MUC4^{CG}$ и $MUC4^{GG}$ – восприимчивый к эшерихиозу (таблица 1).

Таблица 1 – Генетическая структура по гену MUC4, основных пород и половозрастных групп свиней

Хозяйство, половозрастная группа	n	Частота встречаемости				
		генотипов, %			аллелей	
		CC	CG	GG	C	G
1	2	3	4	5	6	7
Белорусская мясная порода						
СГЦ «Западный», свиноматки	38	44,7	44,7	10,5	0,67	0,33
СГЦ «Заречье», свиноматки	29	55,2	44,8	-	0,78	0,22
СГЦ «Заречье», хряки	6	100	-	-	1	-
СГЦ «Заднепровский», хряки	47	61,7	31,9	6,4	0,78	0,22
СГЦ «Западный», ремонтные хрячки	35	40,0	51,4	8,6	0,66	0,34

Продолжение таблицы 1

1	2	3	4	5	6	7
СГЦ «Заднепровский», откорм. молодняк	54	68,5	27,8	3,7	0,82	0,18
Белорусская крупная белая порода						
СГЦ «Заречье», свиноматки	14	21,4	28,6	50,0	0,36	0,64
СГЦ «Западный», хряки	3	-	66,7	33,3	0,33	0,67
СГЦ «Заднепровский», хряки	34	17,7	44,1	38,2	0,40	0,60
СГЦ «Западный», ремонтные хрячки	39	38,5	58,9	2,6	0,68	0,32
СГЦ «Заднепровский», откорм. молодняк	6	33,3	50,0	16,7	0,58	0,42
СГЦ «Западный», ремонтные свинки	25	44,0	52,0	4,0	0,70	0,30
СГЦ «Вихра», ремонтные свинки	35	17,2	37,1	45,7	0,36	0,64
СГЦ «Вихра», ремонтные хрячки	15	13,3	60,0	26,7	0,43	0,57

При анализе генетической структуры по гену MUC4 был выявлен размах колебаний устойчивого генотипа $MUC4^{CC}$ и аллеля $MUC4^{C}$ в зависимости от породы и половозрастной группы свиней. Установлено, что концентрация предпочтительного генотипа $MUC4^{CC}$ и аллеля $MUC4^{C}$ у животных белорусской мясной породы изменялась от 40,0 % и 0,66 (ремонтные хрячки, СГЦ «Западный») до 100% и 1,0 (хряки-производители, СГЦ «Заречье»).

Частота встречаемости устойчивого гомозиготного генотипа $MUC4^{CC}$ и аллеля $MUC4^{C}$ среди популяций белорусской крупной белой породы составила от 13,3 % и 0,43 (ремонтные хрячки, СГЦ «Вихра») до 44,0 % и 0,70 (ремонтные свинки, СГЦ «Западный»). Концентрация восприимчивого к эшерихиозу генотипа $MUC4^{GG}$ колебалась от 2,6 % (ремонтные хрячки, СГЦ «Западный») до 50,0 % (свиноматки СГЦ «Заречье»).

Популяции хряков-производителей белорусской чёрно-пёстрой породы характеризовались устойчивостью животных к колибактериозу, встречаемость генотипа $MUC4^{CC}$ составила: 64,7 % (п/з «Ленино») и 75,0 % (СГЦ «Заречье»). При исследовании половозрастных групп породы дюрок по гену MUC4 полиморфизм не выявлен, и все животные были свободны от мутации и имели устойчивый к эшерихиозу генотип

$MUC4^{CC}$ (таблица 2).

Таблица 2 – Генетическая структура по гену MUC4 различных пород, породных сочетаний и половозрастных групп свиней

Хозяйство, половозрастная группа	n	Частота встречаемости				
		генотипов, %			аллелей	
		CC	CG	GG	C	G
1	2	3	4	5	6	7
Белорусская черно-пестрая порода						
п/з «Ленино», хряки	17	64,7	35,3	-	0,82	0,18
СГЦ «Заречье», хряки	4	75,0	25,0	-	0,87	0,13
п/з «Ленино», свиноматки	28	42,8	53,6	3,6	0,70	0,30
Дюрок						
СГЦ «Заднепровский», хряки	16	100	-	-	1	-
СГЦ «Западный», хряки	7	100	-	-	1	-
СГЦ «Вихра», ремонтные хрячки	31	100	-	-	1	-
СГЦ «Заднепровский», откорм. молодняк	16	100	-	-	1	-
СГЦ «Западный», ремонтные свинки	50	100	-	-	1	-
СГЦ «Вихра», ремонтные свинки	35	100	-	-	1	-
Ландрас						
ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита», хряки	30	60,0	40,0	-	080	0,20
СГЦ «Заднепровский», хряки	13	7,7	61,5	30,8	0,39	0,61
СГЦ «Западный», хряки	2	-	100	-	0,50	0,50
СГЦ «Заднепровский», откорм. молодняк	6	-	100	-	0,50	0,50
ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита», ремонтные свинки	57	57,9	36,8	5,3	0,76	0,24
Йоркшир						
СГЦ «Заднепровский», хряки	31	64,5	25,8	9,7	0,77	0,23
ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита», хряки	52	15,4	46,2	38,4	0,39	0,61

Продолжение таблицы 2

1	2	3	4	5	6	7
СГЦ «Заднепровский», свиноматки	39	35,9	56,4	7,7	0,64	0,36
ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита», ремонтные хрячки	5	-	80,0	20,0	0,40	0,60
ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита», ремонтные свинки	34	17,7	55,9	26,4	0,46	0,54
СГЦ «Заднепровский», откорм. молодняк	5	40,0	40,0	20,0	0,60	0,40
БМ х БКБ						
СГЦ «Западный», свиноматки	5	40,0	40,0	20,0	0,60	0,40
БМ х Л						
СГЦ «Западный», свиноматки	24	58,3	37,5	4,2	0,77	0,23
СГЦ «Заречье», свиноматки	6	83,3	16,7	-	0,92	0,08

Встречаемость предпочтительного генотипа $MUC4^{CC}$ в породе ландрас у хряков-производителей составила от 7,7 % (СГЦ «Заднепровский») до 60,0 % (ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита»). У хряков-производителей из СГЦ «Западный» и откормочного молодняка из СГЦ «Заднепровский» данный генотип $MUC4^{CC}$ отсутствовал, животные этих популяций имели 100%-ный гетерозиготный генотип $MUC4^{CG}$, т. е. восприимчивость к колибактериозу.

В породе йоркшир выявлено, что частота встречаемости устойчивого генотипа $MUC4^{CC}$ изменялась в пределах от 15,4 % (хряки-производители, ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита») до 64,5 % (хряки-производители, СГЦ «Заднепровский»). Концентрация желательного генотипа $MUC4^{CC}$ у двухпородных свиноматок БМхБКБ и БМхЛ составила от 40,0 % (СГЦ «Западный») до 83,3 % (СГЦ «Заречье») соответственно.

Анализ генетической структуры по гену MUC4 показал, что наиболее устойчивой породой из всех изученных является порода дюрок, все животные имели предпочтительный генотип $MUC4^{CC}$ – без мутации (таблица 3).

В среднем по остальным породам и породным сочетаниям концентрация генотипа $MUC4^{CC}$ и аллеля $MUC4^{C}$ составила: белорусская чёрно-пёстрая – 53,1 % и 0,76, белорусская мясная – 56,9 % и 0,76, БМ х Л – 63,3 % и 0,80. Наименьшая встречаемость животных с данным

генотипом $MUC4^{CC}$ и аллелем $MUC4^{C}$ наблюдалась у следующих пород: белорусская крупная белая – 27,5 % и 0,51, йоркшир – 32,5 % и 0,55. Таким образом, в среднем из всех протестированных животных около 52,8 % являются устойчивыми к колибактериозу. Поэтому диагностика свиней по данному гену является необходимой мерой в профилактике кишечных заболеваний.

Таблица 3 – Генетическая структура по гену MUC4, в среднем по породам и породным сочетаниям

Порода	n	Частота встречаемости				
		генотипов, %			аллелей	
		CC	CG	GG	C	G
Белорусская мясная	209	56,9	37,3	5,8	0,76	0,24
Белорусская крупная белая	171	27,5	47,4	25,1	0,51	0,49
Белорусская чёрно-пёстрая	49	53,1	44,9	2,0	0,76	0,24
Дюрок	155	100	-	-	1	-
Ландрас	108	48,1	45,4	6,5	0,71	0,29
Йоркшир	166	32,5	45,8	21,7	0,55	0,45
БМ х КБК	5	40,0	40,0	20,0	0,60	0,40
БМ х Л	30	63,3	33,3	3,4	0,80	0,20

В качестве ДНК-маркера гена рецептора E. coli (ECR) рассматривают ген ECR F18/FUT1, ассоциированный с развитием колибактериоза и отечной болезни у поросят.

ДНК-тестирование животных различных пород и половозрастных групп выявило полиморфизм гена ECR F18/FUT1, представленный двумя аллелями: ECR $F18/FUT1^{A}$ – устойчивый, ECR $F18/FUT1^{G}$ – восприимчивый к колибактериозу (таблица 4).

Анализ различных половозрастных групп и пород показал, что наибольшей концентрацией устойчивого к колибактериозу генотипа ECR $F18/FUT1^{AA}$ характеризовались популяции свиноматок и откормочного молодняка белорусской мясной породы, разводимые в СГЦ «Западный», СГЦ «Заречье» и СГЦ «Заднепровский», процент встречаемости составил 12,9, 12,9 и 15,0 соответственно. Наименьший процент встречаемости генотипа ECR $F18/FUT1^{AA}$ – 2,9 – отмечен у ремонтных хрячков белорусской мясной породы из СГЦ «Западный». У хряков-производителей из СГЦ «Заречье» данный генотип ECR $F18/FUT1^{AA}$ не установлен.

Выявлено, что наибольшая частота встречаемости преимущественного генотипа ECR $F18/FUT1^{AA}$ наблюдалась у популяций белорусской крупной белой породы и соответственно составила: 13,2 % – ремонтные хрячки (СГЦ «Западный»), 14,7 % – хряки-производители

(СГЦ «Заднепровский») и 16,7 % – ремонтные свинки (СГЦ «Западный»). Меньшая концентрация встречаемости генотипа ECR F18/FUT1^{AA} – 2,8 % - отмечена у ремонтных свинок из СГЦ «Вихра». У трёх популяций белорусской крупной белой породы (хряки-производители СГЦ «Западный», свиноматки СГЦ «Заречье», откормочный молодняк СГЦ «Заднепровский») преимущественный генотип ECR F18/FUT1^{AA} не выявлен.

Таблица 4 – Генетическая структура по гену ECR F18/FUT1 основных пород и половозрастных групп свиней

Хозяйство, половозрастная группа	n	Частота встречаемости				
		генотипов, %			аллелей	
		AA	AG	GG	A	G
Белорусская мясная порода						
СГЦ «Заднепровский», хряки	53	3,8	52,8	43,4	0,30	0,70
СГЦ «Заречье», хряки	6	-	33,3	66,7	0,17	0,83
СГЦ «Западный», свиноматки	70	12,9	55,7	31,4	0,41	0,59
СГЦ «Заречье», свиноматки	31	12,9	25,8	61,3	0,26	0,74
СГЦ «Заднепровский», откорм. молодняк	60	15,0	50,0	35,0	0,40	0,60
СГЦ «Западный», ремонтные хрячки	35	2,9	51,4	45,7	0,29	0,71
Белорусская крупная белая порода						
СГЦ «Заднепровский», хряки	34	14,7	35,3	50,0	0,32	0,68
СГЦ «Западный», хряки	3	-	-	100	-	1
СГЦ «Заречье», свиноматки	14	-	21,4	78,6	0,11	0,89
СГЦ «Западный», свиноматки	159	5,0	32,1	62,9	0,21	0,79
СГЦ «Заднепровский», откорм. молодняк	6	-	16,7	83,3	0,08	0,92
СГЦ «Западный», ремонтные свинки	24	16,7	37,5	45,8	0,35	0,65
СГЦ «Вихра», ремонтные свинки	35	2,8	28,6	68,6	0,17	0,83
СГЦ «Вихра», ремонтные хрячки	15	6,7	13,3	80,0	0,13	0,87

Встречаемость устойчивого генотипа ECR F18/FUT1^{AA} среди популяций белорусской чёрно-пёстрой породы варьировала от 0 % (хряки СГЦ «Заречье», свиноматки п/з «Ленино») до 5,9 % (хряки п/з «Ленино») (таблица 5).

Таблица 5 – Генетическая структура по гену ECR F18/FUT1 различных пород, породных сочетаний и половозрастных групп свиней

Хозяйство, половозрастная группа	n	Частота встречаемости				
		генотипов, %			аллелей	
		AA	AG	GG	A	G
1	2	3	4	5	6	7
Белорусская чёрно-пёстрая порода						
п/з «Ленино», хряки	17	5,9	23,5	70,6	0,18	0,82
СГЦ «Заречье», хряки	4	-	25,0	75,0	0,13	0,87
п/з «Ленино», свиноматки	28	-	7,1	92,9	0,04	0,96
Дюрок						
СГЦ «Заднепровский», хряки	16	-	18,7	81,3	0,09	0,91
СГЦ «Западный», хряки	7	14,3	28,6	57,1	0,29	0,71
СГЦ «Заднепровский», откорм. молодняк	16	-	25,0	75,0	0,13	0,87
СГЦ «Западный», ремонтные свинки	50	6,0	52,0	42,0	0,32	0,68
СГЦ «Вихра», ремонтные свинки	35	20,0	62,9	17,1	0,51	0,49
СГЦ «Вихра», ремонтные хрячки	31	16,2	70,9	12,9	0,52	0,48
Ландрас						
ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита», хряки	30	6,7	23,3	70,0	0,18	0,82
СГЦ «Западный» свиноматки	7	14,3	42,9	42,8	0,36	0,64
ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита», свиноматки	24	-	41,7	58,3	0,21	0,79
СГЦ «Заднепровский», откорм. молодняк	6	-	-	100	-	1
Йоркшир						
СГЦ «Заднепровский», хряки	31	-	32,3	67,7	0,16	0,84

Продолжение таблицы 5

1	2	3	4	5	6	7
ГП «ЖодиноАгро-ПлемЭлита», хряки	51	3,9	27,5	68,6	0,18	0,82
СГЦ «Заднепровский», откорм. молодняк	5	-	-	100	-	1
ГП «ЖодиноАгро-ПлемЭлита», ремонтные свинки	31	-	32,3	67,7	0,16	0,84
ГП «ЖодиноАгро-ПлемЭлита», ремонтные хрячки	4	-	-	100	-	1
БМ х БКБ						
СГЦ «Западный», свиноматки	5	-	20,0	80,0	0,10	0,90
БМ х Л						
СГЦ «Западный», свиноматки	24	12,5	58,3	29,2	0,42	0,58

Установлено, что частота встречаемости генотипа ECR F18/FUT1^{AA} и аллеля ECR F18/FUT1^{A} в породе дюрок изменялась в зависимости от популяции и половозрастной группы от 0 % и 0,09 (хряки СГЦ «Заднепровский») до 20,0 % и 0,51 (ремонтные свинки СГЦ «Вихра») соответственно.

При анализе популяций пород ландрас и йоркшир было отмечено, что большая концентрация предпочтительного генотипа ECR F18/FUT1^{AA} и аллеля ECR F18/FUT1^{A} наблюдалась у свиноматок (СГЦ «Западный») – 14,3 % и 0,36, а меньшая у хряков-производителей (ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита») – 3,9 % и 0,18, соответственно. У остальных шести популяций данных пород генотип ECR F18/FUT1^{AA} не выявлен. Среди популяций двухпородных свиноматок процент устойчивого генотипа ECR F18/FUT1^{AA} выявлен только у животных БМхЛ из СГЦ «Западный» и составил 12,5 %.

В целом анализируя частоту встречаемости преимущественного генотипа ECR F18/FUT1^{AA} по всем изучаемым породам и породным сочетаниям можно сделать вывод, что процент животных устойчивых к колибактериозу очень низкий (таблица 6).

Анализ генетической структуры пород и породных сочетаний в среднем по гену ECR F18/FUT1 показал, что наименьшая встречаемость животных с устойчивым генотипом ECR F18/FUT1^{AA} отмечалась у популяций породы: йоркшир – 1,6 %, белорусской чёрно-пёстрой – 2,0 %, ландрас – 4,5 %. Также было установлено, что наибольшая частота встречаемости желательного генотипа ECR

F18/FUT1^{AA} и аллеля ECR F18/FUT1^{A} наблюдалась у популяций породы дюрок (10,3 % и 0,36) и у животных породного сочетания БМхЛ (12,5 % и 0,42), в сравнении с другими породами. Очень большой процент животных чувствительных к колибактериозу с генотипом ECR F18/FUT1^{GG} выявлен у популяций белорусской чёрно-пёстрой породы – 83,7 %, БМхКБК – 80,0 % и йоркшир – 70,5 %.

Таблица 6 – Генетическая структура по гену ECR F18/FUT1 в среднем по породам и породным сочетаниям

Порода	n	Частота встречаемости				
		генотипов, %			аллелей	
		AA	AG	GG	A	G
Белорусская мясная	255	9,8	49,0	41,2	0,34	0,66
Белорусская крупная белая	328	7,3	31,1	61,6	0,23	0,77
Белорусская чёрно-пёстрая	49	2,0	14,3	83,7	0,09	0,91
Дюрок	155	10,3	50,9	38,7	0,36	0,64
Ландрас	67	4,5	29,9	65,7	0,19	0,81
Йоркшир	122	1,6	27,9	70,5	0,16	0,84
БМ х КБК	5	-	20,0	80,0	0,10	0,90
БМ х Л	24	12,5	58,3	29,2	0,42	0,58

Проведённые исследования животных по гену ECR F18/FUT1 показали, что частота встречаемости аллелей и генотипов изменялась в зависимости от породы, породного сочетания и половозрастной группы. Поэтому полученные результаты свидетельствуют о необходимости использования гена ECR F18/FUT1 в маркерной селекции свиней для диагностики на устойчивость к эшерихиозу.

Заключение. Таким образом, наши исследования выявили значительные различия частот встречаемости аллелей и генотипов по генам связанным с генетической устойчивостью свиней к инфекционным заболеваниям MUC4 и ECR F18/FUT1 в зависимости от породы, породного сочетания, популяции и половозрастной группы. Полученные результаты ДНК-тестирования свидетельствуют о различных селекционных процессах происходящих внутри каждой породы, породного сочетания, популяции и половозрастной группы и зависят от направления селекции. Поэтому важной задачей является проведение селекционных мероприятий с использованием ДНК-диагностики, направленных на профилактику инфекционных заболеваний.

В дальнейшем необходимо проводить молекулярно-генетическое тестирование свиней по генам MUC4 и ECR F18/FUT1, а для селекции в данных племенных предприятиях республики следует отбирать жи-

вотных с предпочтительными генотипами $MUC4^{CC}$ и ECR $F18/FUT1^{AA}$ - устойчивых к инфекционных заболеваниям. Рекомендуется исключать из селекционного процесса животных-носителей мутации по данным генам с генотипами $MUC4^{GG}$, $MUC4^{CG}$, ECR $F18/FUT1^{GG}$ и ECR $F18/FUT1^{AG}$ - восприимчивых к колибактериозу. Данные мероприятия снизят процент заболеваний эширихиозом у свиней, что в целом сократит экономические потери в отрасли свиноводства.

Литература

1. Пейсак, З. Болезни свиней / З. Пейсак – Брест : ОАО «Брестская типография», 2008. – 406 с.

2. Refined linkage mapping of the Escherichia coli F4ac receptor gene on pig chromosome 13 / D. Joller [et al.] // Proc. 30th Int. Conf. Anim. Genet. (20–25 August, Porto Seguro, Brazil). – Porto Seguro, 2006. – P. 512.

3. Jorgensen, C. B. Linkage and comparative mapping of the locus controlling susceptibility towards E. coli F4ab/ac diarrhoea in pigs / C. B. Jorgensen // Cytogenetic and Genome Research. – 2003. – Vol. 102. – P. 157-162.

4. A molecular test for the detection of E. coli F18 receptors: a breakthrough in the struggle against edema disease and post-weaning diarrhea in swine / P. Vögeli [et al.] // Schweiz Arch Tierheilkd. – 1997. - № 11. – P. 479-84.

5. Two alpha(1,2) fucosyltransferase genes on porcine chromosome 6q11 are closely linked to the blood group inhibitor (S) and Escherichia coli F18 receptor (ECF18R) loci / E. Meijerink [et al.] // Mamm. Genome. – 1997. - № 8. – P. 736-741.

6. Зиновьева, Н. А. Подготовка проб, выделение ДНК и оптимизация метода ПЦР-анализа / Н. А. Зиновьева // Методы исследований в биотехнологии сельскохозяйственных животных : шк.-практикум / под ред. Н. А. Зиновьевой. – Дубровицы : ВИЖ, 2004. – Вып. 3. – С. 40-41.

(поступила 1.03.2016 г.)

УДК 636.4.082:637.5.04/.07

И.С. КОСКО

КАЧЕСТВО МЯСА И САЛА ГИБРИДНОГО МОЛОДНЯКА СВИНЕЙ

РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству»

Установлено, что использование гибридных хряков специализированных мясных пород, генотипа дюрок × пьетрен в различных вариантах гибридизации не оказывает отрицательного влияния на качество свинины и возможно дальнейшее использование гибридных хряков в системе гибридизации.

Ключевые слова: гибридные хряки, дюрок × пьетрен, физико-химические свойства, мясо, сало.