

ствах были более длинноногими и растянутыми, что характерно для скота молочного типа. Животные чёрно-пёстрых линий имели более высокий индекс сбитости, что характерно для скота молочно-мясного типа.

Литература

1. Республиканская комплексная программа по племенному делу в животноводстве на 2005-2010 гг. – Мн., 2005. – 126 с.
2. Казаровец, Н. В. Теоретические и практические аспекты селекционно-племенной работы : моногр. / Н. В. Казаровец. – Мн. 2005. – 309 с.
3. Племенная работа и воспроизводство стада в молочном скотоводстве : моногр. / Н. В. Казаровец [и др.]. – Горки, 2001. – 212 с.
4. Саянова, О. В. Анализ роста и развития тёлочек белорусской чёрно-пёстрой породы / О. В. Саянова // Интенсификация производства продуктов животноводства : тез. докл. междунар. науч.-практ. конф., 30-31 окт. 2002 г. – Жодино, 2002. – С. 65.
5. Бегучев, А. П. Основные закономерности индивидуального развития крупного рогатого скота / А. П. Бегучев // Скотоводство. – М., 1977. – Гл. – С. 76-91.
6. Фёдоров, В. И. Рост, развитие и продуктивность животных / В. И. Фёдоров. – М. : Колос, 1973. – 272 с.
7. Гринь, М. П. Программа и основные результаты селекции чёрно-пёстрого скота Беларуси / М. П. Гринь // Селекция молочного скота : сб. науч. тр. – М. : Колос, 1984. – С. 80-85.
8. Гринь, М. П. Основные итоги, задачи и методы совершенствования молочного скота / М. П. Гринь // Проблемы производства молока и говядины : сб. науч. тр. – Жодино, 1996. – С. 34.
9. Свечин, К. Б. Индивидуальное развитие сельскохозяйственных животных / К. Б. Свечин. – К. : Урожай, 1976. – 285 с.
10. Колесник, Н. Н. Экстерьер и конституция / Н. Н. Колесник // Скотоводство. – М., 1977. – С. 115-123.

УДК 636.4:575.174.015.3

Т.И. ЕПИШКО

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСНОВЫ ПОРОДООБРАЗОВАНИЯ

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

Введение. Сложившаяся в нашей стране за многие годы традиционная система селекционно-племенной работы в свиноводстве, как правило, замыкается в рамках отбора и подбора животных по собственной продуктивности. При этом не всегда принимаются во внимание результаты оценки по качеству потомства в силу продолжительности получения результатов и не учитываются модификационные факторы, что препятствует реализации максимального генетического прогресса

в свиноводстве. Формирование стад с необходимыми селекционно-генетическими параметрами продуктивности на основе использования генетико-математических моделей, генетических маркеров, которые обеспечивают наивысший селекционный дифференциал при отборе, и следовательно, максимальный эффект селекции, будут способствовать интенсификации пороодообразовательного процесса, направленного на создание новых линий, типов и пород [1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 11].

Применение генетических основ в селекционном процессе, базирующихся на основополагающих принципах популяционной генетики, иммуногенетики и ДНК-технологий (маркер-зависимой селекции) позволит прогнозировать и моделировать селекционный процесс, оказывать определяющее влияние на пороодообразование и его конечный результат.

В этой связи целью исследований явилось изучение эффективности применения способа системного использования методов популяционной генетики, иммуногенетики, биохимического полиморфизма и ДНК-технологий (маркер-зависимой селекции) как генетической основы в селекционном и пороодообразовательном процессе и широкое внедрение генетических параметров в племенную работу.

Материал и методика исследований. Исследования проведены в РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству» в период с 1988 по 2006 гг.

Проведение генетического анализа пород и линий свиней и синтез высокопродуктивного гибрида осуществлялся согласно разработанным нами «Методическим рекомендациям по синтезу высокопродуктивных гибридов» [9], включающим пакет программ, в основу которых положены алгоритмы количественного анализа, описанные в монографии В.К. Савченко [10].

Для контроля за направленностью селекционных процессов в популяциях белорусской мясной породы свиней и установления генетических особенностей породы проведено изучение иммуногенетического статуса групп крови по 28 антигенным факторам, относящимся к 10 системам (A, B, D, E, F, G, H, K, L, M). Генотип животного по группам крови выявлен путём постановки серологической проверки эритроцитов с набором моноспецифических сывороток в реакции агглютинации или гемолиза.

Для внедрения в сельскохозяйственное производство ДНК-технологий (маркер-зависимой селекции), позволяющих интенсивно воздействовать на генотип животного на уровне ДНК и осуществлять прогнозирование продуктивности, нами разработаны «Методические рекомендации по проведению ДНК-тестирования в животноводстве Беларуси» [11], в основу которых положены методики Г. Брэма и Б.

Брэнинга (1993 г.). Выделение ДНК и тестирование животных по генам RYR1 и ESR проводилось согласно разработанным рекомендациям [12].

Результаты эксперимента и обсуждение. Разработанная нами программа применения генетико-популяционных методов, включающая метод генетического анализа и синтеза в сетевых пробных скрещиваниях, была с успехом применена в селекционном процессе в свиноводстве при создании белорусской мясной породы. Впервые с применением теоретических аспектов селекции, основанных на глубоком генетическом анализе материнских и отцовских форм, включающем оценку их по комбинационной способности и моделированию селекционного процесса, была синтезирована модель создаваемой породы. Это позволило уйти от практики селекционной работы, когда сначала методом проб и ошибок создавалась модель породы, а затем, в процессе селекционной работы, пытались добиться соответствия комплекса хозяйственно-ценных признаков исходной модели. На основании проведённых исследований был предложен способ селекции, позволяющий конкретизировать модель белорусской мясной породы свиней на завершающем этапе её создания.

В настоящее время белорусская мясная порода используется в региональных системах разведения. Для поддержания высоких генетических качеств породы и совершенствования её продуктивности постоянно проводится селекционно-генетический анализ стад, что позволяет наметить пути совершенствования продуктивных качеств линий и направление их использования, определить продолжателей и родоначальников новых линий.

В результате прогнозирования комбинационной способности родительских форм с использованием методов генетического анализа и синтеза в сетевых пробных скрещиваниях в условиях промышленной технологии разработана формула трёхпородно-линейного гибрида. Наибольшими значениями ассоциативной комбинационной способности обладали животные межпородного гибрида (КБ*БМ)*Д линейных сочетаний (Сват*Зенит)*Гоп Ивдек (1,42), (Свитанок*Забой)*Deerpark Jerry (1,15), (Сват*Зенит)*Deerpark Jerry (0,96), что указывает на перспективность селекции, направленной на получение высокого эффекта гетерозиса.

Полученные результаты прогнозирования комбинационной способности родительских форм подтверждены экспериментальными данными в условиях промышленной технологии. Полученный товарный молодняк отличался высокой энергией роста (750 г), низкими затратами кормов на 1 кг прироста (3,54 к. ед.) и хорошими мясными качествами (толщина шпика над 6-7 грудным позвонком – 22,9 мм, выход

мяса в туше – 61,1 %, площадь «мышечного глазка» – 37,8 см²). От производства трёхпородных гибридов получен экономический эффект в расчёте на одну свиноматку в год в размере 3658 у. е. по курсу Национального банка Беларуси на 08.06.2006 г.

Таким образом, использование методов популяционной генетики, включающих генетический анализ и синтез в сетевых пробных скрещиваниях, позволяет эффективно и гарантированно осуществлять работу по качественному улучшению существующих и созданию новых генотипов свиней, моделировать селекционный процесс, прогнозировать проявление продуктивных качеств и получать высокий и гарантированный эффект гетерозиса при производстве промышленных гибридов.

Однако практика селекционной работы показала, что при постоянном совершенствовании племенных качеств породы для одновременного поддержания в популяциях продуктивности и жизнеспособности необходим контроль за направленностью селекционных процессов в популяциях на основе изучения иммуногенетического статуса, что позволит:

- консолидировать наследственную устойчивость животных путём увеличения числа потомков, гомозиготных по нескольким локусам групп крови;
- контролировать и поддерживать гетерозиготность на уровне, обеспечивающем достаточную изменчивость и пластичность популяций.

Результаты анализа иммуногенетического статуса белорусской мясной породы показали, что между популяциями существуют различия по частоте встречаемости отдельных аллелей групп крови. Размах колебаний изменчивости аллеля L^{bdf} колебался от 30 до 126 % от средней по породе, а также аллелей A^p (39-61 %) и B^b (33-91 %), что, вероятно, обусловлено их ассоциацией с процессами адаптации животных. Менее значимые различия величин частот аллелей между популяциями наблюдались в системах групп крови F (F^a – 10,8-46,4 %, F^b – 4-18,1 %), G (G^a – 23,8-26,2 %, G^b – 17,2 %), H (H^a – 7,4-11,1 %, H^b – 7,7-30,7 %, H^c – 1,6-11,7), K (K^a – 37,5-41,6 %, K^b 11,8-13,2 %), которые связаны с генами, детерминирующими проявления продуктивных качеств. Выявленные иммуногенетические различия указывают на то, что порода неоднородна по признакам продуктивности, хотя и консолидирована по фенотипу, и решающая роль в формировании иммуногенетического статуса принадлежит отбору, его интенсивности и направленности.

Установлено, что за двадцатилетний период создания, формирования и совершенствования белорусской мясной породы её иммуноге-

нетический статус претерпел изменения по отношению к типам животных, которые участвовали в выведении породы: появились дополнительно аллели в системах групп крови A, B, E, G, L, и, в отличие от исходных генотипов (полтавского и белорусского типов), наблюдается снижение концентрации аллеля A^c в пользу аллелей A⁻ и A^p. Аналогичные изменения произошли в системах B, D, E, F, G, H, R, L.

В ходе интенсивного породообразовательного процесса, направленного на формирование мясной продуктивности, наблюдается элиминация аллеля K⁻ за счёт увеличения концентрации аллеля K^b и обогащение популяции аллелями A^p, B^b, D^a, E^{aef}, E^{bd^f}, E^{ed^f}, G^a, L^{adhi} и F^a (аллеля азиатского типа), вероятно, несущими определённое адаптационное преимущество.

Полученные данные свидетельствуют о динамике изменчивости групп крови в организме животных белорусской мясной породы в ходе адаптационного и селекционного процессов, а их характеристики являются ответом на отбор. При этом аллельное разнообразие и частоты отражают изменения всего генома, следовательно, и морфологических признаков. Согласно тому, что дивергенция домашних пород происходит по комплексу скоррелированных генов под действием естественного или искусственного отбора, можно предположить, что группы крови свиней являются индикатором пути развития генома и отражают те его преобразования, которые возникают в результате породообразования.

У белорусской мясной породы в распределении генных частот выявлен несколько стохастический процесс, который, с точки зрения популяционной генетики, можно объяснить варьированием частот антигенов, обусловленный случайным дрейфом; генетической дифференциацией популяции и использованием генофонда пород зарубежной селекции в ходе породообразования, направленного на совершенствование продуктивных качеств породы.

Иммуногенетический маркер не связан непосредственно с генами, контролирующими определённый количественный признак, однако вместе с ними входит в единый коадаптированный комплекс генов, формирующийся при направленном отборе. Взаимосвязанная изменчивость генных частот такого комплекса находится под генетическим контролем и определяется закономерностями рекомбинационных процессов в различных участках генома.

На наш взгляд, именно такой механизм является наиболее реальным для объяснения возникающих связей между маркерными генами и количественными признаками свиней. А для одновременного поддержания в популяции высокой продуктивности и жизнеспособности необходимо наличие определённого сбалансированного полиморфизма

групп крови и генов, детерминирующих проявление признаков продуктивности.

Интенсификации породообразовательного процесса в свиноводстве будет способствовать внедрение в селекцию ДНК-технологий, особенно одного из основных её направлений – селекции по маркерным генам. В связи с этим, в наших исследованиях особое внимание уделено поиску и разработке молекулярно-генетических маркеров, позволяющих иметь тест-системы на уровне генетического материала клетки (полиморфизм ДНК). Из многообразия существующих генетических маркеров отобраны ген RYR1, ассоциированный с индуцируемой стрессом злокачественной гипертермией, и ген ESR эстрогенового рецептора, детерминирующий проявление репродуктивных качеств свиней, анализ полиморфизма которых, по нашему мнению, играет важную роль в интенсификации селекционного процесса, направленного не только на повышение эффективности селекции свиней, но и на возможность прогнозирования уровня количественных признаков в раннем возрасте.

Интенсивная селекция на увеличение мясности и одновременное уменьшение содержания жира в туше животных белорусской мясной породы привели к увеличению количества предрасположенных и чувствительных к стрессу животных. В результате, при внешних или внутренних угрозах динамическому равновесию гомеостаза, возникает как защитная реакция организма стресс, вызывающий злокачественную гипертермию. Вследствие мутации в рианодин-рецепторном гене RYR1 происходит снижение естественной резистентности, ослабление гуморальных, тканевых и клеточных механизмов иммунитета, что приводит к увеличению отхода поросят, резкому снижению воспроизводительной функции, откормочной продуктивности и ухудшению качества мяса.

Выявлено, что у белорусской мясной породы концентрация аллеля RYR1ⁿ в гетерозиготной форме RYR1^{Nn} колеблется от 0 в РСУП «СГЦ «Заречье» Гомельской обл. до 0,140 в РСУП «СГЦ «Заднепровский», а встречаемость таких генотипов составила 0-29 % в зависимости от популяции и половозрастной группы животных. Высокая частота аллеля RYR1ⁿ в популяции свиней белорусской мясной породы РСУП «СГЦ «Заднепровский» вызвана использованием вводного скрещивания немецкого ландраса для улучшения продуктивных качеств животных.

Высокое селекционное давление при отборе производителей на повышение процента постного мяса в туше привело к значительному увеличению концентрации мутантного аллеля RYR1ⁿ у хряков-производителей (от 0 до 0,140) и ремонтных хрячков (0,140) в сравнении с аналогичными показателями откормочного молодняка (0,100) и сви-

номаток (0,100).

Получены данные, свидетельствующие о значительной изменчивости частот мутантного аллеля RYR1^N не только на межпопуляционном, но и межлинейном уровне в зависимости от половозрастной группы животных: у хряков-производителей и ремонтных хрячков от 0 (линия Заслона) до 0,227 (линия Зонта), у свиноматок от 0,030 (линия Зенита) до 0,210 (линия Забоя). Это связано с различным направлением селекционных процессов, интенсивностью отбора на увеличение количества мяса в туше и уменьшение толщины шпика, а также использованием вводного скрещивания мясных пород зарубежной селекции.

Полученные данные свидетельствуют о сложности прогнозирования уровня встречаемости мутации в гене RYR1 в популяциях и о необходимости регулярного тестирования племенных животных и ремонтного молодняка, а также импортируемого поголовья.

Проведённые нами исследования по изучению ассоциации полиморфизма гена RYR1 с механизмами физиологической реактивности организма выявили нарушение равновесия физиологических и биохимических процессов в организме животных-носителей злокачественной гипертермии под действием стрессов: снижение адаптационной способности и естественной резистентности организма (показателей β -лизинной и лизоцимной активности на 2,6-20,7 %); эритроцитов (на 22%) и гемоглобина (на 3,4 %) – важнейших элементов крови, обеспечивающих окислительные и дыхательные процессы в организме; Са (на 4 %), который вовлечён во многие физиологические процессы и увеличение фосфора на 0,46 мМ/л, или 10 %; возрастание содержания количества общего белка, α -, β -, γ -глобулиновых фракций и, как следствие, суммарного содержания глобулинов в крови.

Согласно полученным нами данным, устойчивые к стрессу матки имели преимущество по многоплодию на 8,8 % ($P<0,05$), в том числе по количеству живых поросят на 11,1 % ($P<0,01$) и массе гнезда при рождении на 11 % ($P<0,01$). У маток с гетерозиготным генотипом RYR^{Nn} на 2,5-3,2 % рождалось больше мертворожденных поросят, на 3,4-5,4 % был выше процент аварийных опоросов и на 25,8 % – ниже сохранность поросят.

Установлено негативное влияние мутации RYR1 – гена на откормочные и мясные качества животных. Молодняк белорусской мясной породы с гомозиготным генотипом RYR^{NN} характеризовался более высокой скоростью (179,1 дня) и энергией роста (732,4 г; $P<0,01$), низкими затратами корма на 1 кг прироста (3,64 к. ед.; $P<0,05$), а также более длинной тушей (98,9 см; $P<0,01$) и тонким шпиком (25,2 мм), что значительно превышало аналогичные показатели животных с генотипом RYR1^{Nn} (соответственно на 3,5 дней (или 1,9 %); 33,1 г (4,7 %);

0,14 к. ед. (3,7 %); 1,3 см (1,3 %); 2,4 мм (8,7 %)).

Для устранения негативного влияния мутации в гене RYR1 необходимо обязательное и регулярное проведение ДНК-тестирования племенных животных на наличие мутации в гене RYR1 и дифференцированный подход к использованию полиморфизма гена RYR1 в селекционном процессе в зависимости от конкретной селекционной задачи.

Выявленные ассоциации аллельных вариантов гена RYR1 с показателями метаболических процессов, а также продуктивными качествами животных свидетельствует о возможности использования данного гена в качестве генетического маркера для селекции свиней на устойчивость к стрессу.

Наряду с использованием в селекции свиней генов, детерминирующих наследственные заболевания, перспективно применение генетических маркеров признаков продуктивности. Особое значение это приобретает в ходе интенсивного породообразовательного процесса, направленного на создание мясных генотипов, когда наряду с высокими мясными качествами животные должны обладать и высокой воспроизводительной функцией.

Одним из наиболее часто используемых в селекционной зарубежной практике генов, связанных с проявлением воспроизводительной функции свиней, является ген эстрогенового рецептора (ESR), что обусловлено ключевой ролью эстрогенов и их рецепторов в воспроизводительном процессе свиней. В связи с этим нами изучена возможность использования гена ESR в качестве маркера при селекции свиней на многоплодие.

Анализ генетической структуры популяций свиноматок различных пород, разводимых в РУСП «СГЦ «Заднепровский», выявил, что у маток белорусской мясной породы преобладающим является генотип ESR^{AA}. При изучении ассоциации гена ESR с репродуктивными признаками свиноматок установлена тенденция положительного влияния аллеля ESR^B на такие важные показатели, как общее количество родившихся, количество и масса живорожденных поросят. Анализ данных второго и последующих опоросов показал, что по общему количеству родившихся поросят свиноматки белорусской мясной породы с генотипом ESR^{BB} превосходили животных с генотипом ESR^{AA} на 0,68 поросёнка. Данная тенденция сохранялась и по количеству живорожденных поросят. В гнездах свиноматок с генотипом ESR^{BB} насчитывалось в среднем 12,01, а с альтернативным гомозиготным генотипом – 11,23 живых поросёнка. Установлено положительное влияние аллеля ESR^B на массу живых поросят при рождении. Гнезда свиноматок генотипа ESR^{BB} были тяжелее в сравнении с гнездами свиноматок ESR^{AA} на 0,38 кг. Показатели продуктивности маток с гетерозиготным

генотипом занимали промежуточное положение между показателями гомозигот.

Полученные данные свидетельствуют о возможности использования данного гена в качестве генетического маркера для селекции свиней на повышение многоплодия.

Нами изучено комплексное влияние генов ESR и RYR1 на воспроизводительную функцию маток.

Получены результаты, свидетельствующие, что наиболее благоприятным воздействием на репродуктивную функцию свиноматок оказывает комплексный генотип $ESR^{BB}RYR1^{NN}$, а наименее желательными для селекции на улучшение воспроизводительных качеств являются генотипы $ESR^{AA}RYR1^{Nn}$. Свиноматки белорусской мясной породы генотипа $ESR^{BB}RYR1^{NN}$ превосходили маток $ESR^{AA}RYR1^{Nn}$ по количеству родившихся поросят на 9,7 % ($P<0,05$), в том числе живых – на 18,8 % ($P<0,001$), массе гнезда при рождении – на 17,9 % ($P<0,01$), количеству поросят в 21-й день – на 5 % ($P<0,001$), при отъёме – на 19,8% ($P<0,001$). Они также отличались более низким процентом мертворожденных поросят (на 6,7 % ($P<0,01$)) и аварийных опоросов (на 18,1 % ($P<0,05$)).

Таким образом, использование комплексного генотипа открывает более широкие возможности при отборе, позволяя проводить наиболее точную оценку продуктивности свиноматок, так как обнаруживает ряд взаимосвязей, не проявляющихся при дифференцированном анализе по каждому гену.

Заключение. 1. Применение методов популяционной генетики, иммуногенетики и ДНК-технологий (маркер-зависимой селекции) как генетических основ в селекционном и пороодообразовательном процессе и широкое внедрение генетических параметров в племенную работу позволит ускорить процесс совершенствования генетического потенциала отечественных пород, прогнозировать эффект гетерозиса у гибридов, контролировать и моделировать селекционный процесс, увеличить многоплодие свиноматок (на 6,8-18,8 %), откормочную (на 5-7 %) и мясную (на 8-10 %) продуктивность.

Литература

1. Епишко, Т. И. Генетический анализ и синтез гетерозисных популяций свиней : автореф. дис. ... канд с.-х. наук : 06.02.01 / Епишко Татьяна Ивановна. Мн., 1991. – 23 с.
2. Епишко, Т. И. Использование генетико-популяционных методов при выведении белорусской мясной породы / Т. И. Епишко, О. П. Родионова // Тез. докл. науч.-практ. конф. / БелНИИЖ. – Мн. : ЦНИИМЭСХ, 1995. – С. 30.
3. Епишко, Т. И. Повышение эффективности селекционного процесса на основе использования генетико-популяционных методов / Т. И. Епишко, О. П. Родионова // Наука – производству. – Гродно, 1996. – С. 198.
4. Епишко, Т. И. Влияние полиморфизма гена RYR1 на механизмы физиологической реактивности организма свиней / Т. И. Епишко // Эпизоотология, иммунобиология, фар-

макология, санитария. – 2005. – № 1. – С. 49-54.

6. Polymorphism of gene RYR1 in a Belarus meat-type pig and its association with metabolic processes and productive qualities / I. P. Sheyko [et. al.] // Russian Agricultural Sciences. – 2005. – № 9. – Р. 21-24.

7. Шейко, И. П. Использование ДНК-технологий при определении стрессовой чувствительности и продуктивности свиней / И. П. Шейко [и др.] // Вести НАН Беларуси. Сер. аграрных наук. – 2005. – № 3. – С. 76-78.

8. Шейко, И. П. Генетические методы интенсификации селекционного процесса в свиноводстве : моногр. / И. П. Шейко, Т. И. Епишко ; Ин-т животноводства НАН Беларуси. – Жодино, 2006. – 197 с.

9. Шейко, И. П. Методические рекомендации по синтезу высокопродуктивных гибридов свиней / разработ. : И. П. Шейко, Т. И. Епишко, Л. А. Федоренкова ; БелНИИЖ. – Мн. : Белполиграф, 2001. – 16 с.

10. Савченко, В. К. Генетический анализ в сетевых пробных скрещиваниях / В. К. Савченко. – Мн. : Наука и техника, 1984. – 223 с.

11. Методические рекомендации по проведению ДНК-тестирования в животноводстве Беларуси / разработ. : И. П. Шейко [и др.] – Жодино, 2006. – 25 с.

12. Методические рекомендации по определению происхождения по группам крови и полиморфным белкам в свиноводстве. – Л., 1979. – 29 с.

УДК 636.4.082:612.8:577.113.1

Т.И. ЕПИШКО, О.П. КУРАК

АНАЛИЗ РАЗЛИЧНЫХ ПОПУЛЯЦИЙ КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА НА НАЛИЧИЕ МУТАЦИИ BLAD В ГЕНЕ CD18

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

Введение. Распространение у крупного рогатого скота такого наследственного заболевания, как синдром врожденного иммунодефицита (BLAD-синдром), связывают с широким использованием быков-производителей голштинской породы – носителей этой мутации [1, 2, 3]. BLAD – это аутосомное рецессивное непатогенное заболевание, приводящее к нарушению иммунного ответа на инфекционные агенты. Молекулярной основой BLAD-синдрома является точечная замена (A→G) в положении 383 кДНК CD18, что приводит к аминокислотной замене (аспаргиновая кислота → глицин).

Клинические симптомы проявления мутации в гомозиготном состоянии разнообразны, однако доминируют нарушения респираторной функции и функции желудочно-кишечного тракта. Суть мутации заключается в том, что организм животного, несущего в своём генотипе мутантный аллель в гомозиготном состоянии (CD18^{BL/BL}), не способен противостоять вирусным и бактериальным инфекциям, что приводит к