

промиздат, 1991. – 300 с.

8. Особенности технологии возделывания чечевицы в условиях предгорной зоны КБР / С. И. Кононенко, И.М. Ханиева, Т.М. Чапаев, К.Р. Канукова //Политематический сетевой электронный научный журнал Кубанского государственного аграрного университета. - 2013. - №94. - С. 622 – 631. – Режим доступа: <http://ej.kubagro.ru/2013/10/pdf/52.pdf>

9. Сравнительная оценка кормовых достоинств зерна гороха и нута разных сортов в условиях засухи /С. И. Кононенко, А.Г. Мещеряков, Ю.И. Левахин, А.М. Испанова //Политематический сетевой электронный научный журнал Кубанского государственного аграрного университета. - 2015. - №107. - С. 1426 – 1435. – Режим доступа: <http://ej.kubagro.ru/2015/03/pdf/92.pdf>

УДК 636.2.082

ПОЛИМОРФИЗМ ГЕНА MUC4 У СВИНЕЙ РАЗЛИЧНЫХ ГЕНОТИПОВ

Н.Н. Климов, канд. с.-х. наук,
С.И. Коршун, канд. с.-х. наук
УО «Гродненский государственный аграрный университет»

UDC636.2.082

POLYMORPHISM OF MUC4 GENE IN PIGS OF THE DIFFERENT GENOTYPES

Klimov N.N., Korshun S.I.,
Grodno State Agrarian University

nn_klimov@mail.ru

В ходе проведения исследований у свиней различных генотипов была установлена определенная изменчивость частот встречаемости мутантного аллеля MUC4^G, который ассоциирован с чувствительностью молодняка свиней на ранних стадиях постнатального развития к колибактериозу, вызываемому бактерией *Escherichia coli* K88. Результаты анализа генетической структуры подопытного поголовья указывают на относительно высокие частоты встречаемости данного аллеля (0,256) и генотипов (46,7% генотипа MUC4^{CG} и 2,2% генотипа MUC4^{CC}).

Ключевые слова: свиньи, генотипы, гены, полиморфизм

During the researches in pigs of different genotypes it was established certain variability of the occurrence frequency of the mutant allele MUC4^G, which is associated with sensitivity of young pigs in the early stages of postnatal development to colibacillosis caused by the *Escherichia coli* K88 bacterium. Results of the analysis of the genetic structure of the experimental population indicate a relatively high frequency in this allele (0,256) and genotypes (46.7% of genotype MUC4^{CG} and 2.2% of the genotype MUC4^{CC}).

Key words: pigs, genotypes, genes, polymorphism

Одним из основных условий повышения генетического прогресса в отрасли свиноводства является использование генетических ресурсов мясных пород свиней зарубежной селекции, что в ближайшей перспективе позволит повысить производство конкурентоспособной свинины [8]. Опыт стран с развитым свиноводством показывает, что магистральным путем развития отрасли является широкое использование в селекционном процессе достижений генетики, в частности, внедрения в практику селекции современных методов ДНК-технологии, к которым, в частности, относятся диагностика и элиминация из селекционного процесса особей-носителей нежелательных генных мутаций. В Республике Беларусь к настоящему моменту изучена ассоциация ряда генов-маркеров с продуктивными качествами свиней. Однако селекционные программы, предусматривающие повышение продуктивности, должны внедряться с учетом обеспечения генетической устойчивости по отношению к инфекционным и паразитарным заболеваниям, поскольку только здоровые, хорошо приспособленные к условиям промышленной технологии производства продукции, животные могут проявлять генетически обусловленный потенциал полезных наследственных качеств [1, 2, 3].

Практический интерес представляет изучение возможности применения в селекции результатов определения у свиноголовья полиморфизма гена MUC4, связанного с заболеваемостью колибактериозом в первые два месяца жизни и в послетъемный период. Это позволит проводить специфическую профилактику вспышек этого заболевания путем проведения селекционных мероприятий, направленных на удаление из селекционного процесса носителей аллельных вариантов и генотипов, неустойчивых к колибактериозу [4].

Следует особо отметить, что на сегодняшний момент в селекционных программах по совершенствованию разводимого поголовья свиней Дании ДНК-типирование животных по гену MUC4 является обязательным. Это делается с целью создания популяций, наследственно устойчивых к колибактериозу, вызываемому возбудителем *Escherichia coli* K88 [5].

Исходя из сказанного выше, создание крупных массивов свиней, способных более устойчиво обеспечивать высокую продуктивность в течение продолжительного времени, хорошо адаптированных к условиям использования в сельскохозяйственных организациях промышленного типа, является на современном этапе одной из центральных проблем, решение которой следует рассматривать как новое направление в селекционной работе в условиях промышленной технологии производства мяса.

Целью исследований являлось определение полиморфизма гена MUC4 у свиней различных генотипов. Местом проведения исследований явился свиноводческий комплекс филиала «Агрокомплекс «Желудокский» ОАО «Скидельагропродукт» Гродненской области. Генетические исследования проводились в лаборатории генетики животных ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси».

Подопытные животные были сгруппированы в зависимости от породы отцовских форм, использовавшихся на заключительном этапе сложного промышленного скрещивания. В качестве материнских форм во всех вариантах были использованы двухпородные помесные свиноматки генотипа БКБ×БМ (БКБ – белорусская крупная белая порода; БМ – белорусская мясная порода). В качестве отцовских форм использовались производители белорусской мясной породы, а также пород ландрас (Л), йоркшир (Й) и дюрок (Д) импортной (немецкой, норвежской, канадской и датской) селекции. Соответственно в ходе исследований изучался полиморфизм гена MUC4 у молодняка свиней генотипов (БКБ×БМ)×БМ (1 группа), (БКБ×БМ)×Л (2 группа), (БКБ×БМ)×Й (3 группа) и (БКБ×БМ)×Д (3 группа).

На основе данных лабораторных исследований по определению генотипа исследуемого поголовья по гену MUC4 были определены частоты аллелей и генотипов по всему поголовью и в разрезе опытных групп. В результате проведения молекулярно-генетического тестирования подопытных животных, полученных от отцов различных пород отечественной и зарубежной селекции, был выявлен полиморфизм гена MUC4, представленный двумя аллелями – MUC4^c и MUC4^g. Была определена генетическая структура исследуемого поголовья свиней по гену MUC4. В ходе ее изучения нами были установлены различия по частоте встречаемости мутантного аллеля MUC4^g.

Наибольшая частота встречаемости желательного генотипа MUC4^{cc} была установлена среди особей генотипа (БКБ×БМ)×БМ (72,7%), второе место занимали свиньи генотипа (БКБ×БМ)×Й (50%), третье место – животные сочетания (БКБ×БМ)×Д (45,5%). При этом наименьшая (36,4%) частота встречаемости указанного полиморфного варианта исследуемого гена была характерной для особей генотипа (БКБ×БМ)×Л.

Результаты исследований распределения генотипов в выборке животных различных генотипов свидетельствуют о наибольшей встречаемости особей генотипа MUC4^{cc} (51,1%), обеспечивающего устойчивость к колибактериозу, вызываемому *Escherichia coli* K88. Следует отметить наличие среди исследуемых животных немногим менее полови-

ны (48,9%) особей, чувствительных к данному заболеванию (46,7% генотипа MUC4^{CG} и 2,2% с генотипом MUC4^{CC}).

Среди подопытных животных наибольшая встречаемость желательного аллеля MUC4^C была обнаружена у особей генотипа (БКБ×БМ)×БМ (0,864) , несколько меньшая частота его встречаемости была зафиксирована у животных сочетаний (БКБ×БМ)×Д и (БКБ×БМ)×Й (0,727 и 0,708 соответственно). Наиболее низкой частотой встречаемости аллеля MUC4^C (0,682) и, соответственно, наибольшей частотой нежелательного мутантного аллеля MUC4^G (0,318) характеризовались животные генотипа (БКБ×БМ)×Л.

Результаты проведенного анализа встречаемости аллельных вариантов гена MUC4 (MUC4^C и MUC4^G) у исследуемых свиней показал, что наибольшей частотой встречаемости (0,744) отличался аллель MUC4^C, а наименьшей – мутантный вариант MUC4^G (0,256) . Следовательно, у исследуемого поголовья преобладал аллель, определяющий устойчивость животных к колибактериозу, вызываемому штаммом К88 бактерии *Escherichia coli*. Как показали результаты проведенного анализа генетической структуры подопытного поголовья, наблюдались относительно высокие частоты встречаемости данного аллеля (0,256) и генотипов (46,7% генотипа MUC4^{CG} и 2,2% генотипа MUC4^{CC}).

В связи с изложенным выше, рекомендуется проводить ДНК-диагностику, как ремонтного молодняка, так и основных и проверенных хряков, в том числе и закупленных для станций по искусственному осеменению свиней, импортных хряков-производителей, а также свиноматок, направленную на выявление носителей нежелательных генетических мутаций и путем их элиминирования из селекционного процесса постепенно очистить от них стада, тем самым повысить адаптационные способности животных и, как итог, экономическую эффективность отрасли свиноводства.

Список литературы:

1. Гладырь, Е. А. Молекулярные методы в диагностике заболеваний и наследственных дефектов сельскохозяйственных животных / Е. А. Гладырь, Н. А. Зиновьева, Л.К. Эрнст, О. В. Костюнина, А. С. Быкова, А. Д. Банникова, Е. П. Кудина, Г. Брем // Зоотехния. – 2009. – № 8. – С. 26-27.
2. Епишко, Т. И. Достижения и перспективы использования ДНК-технологий в свиноводстве / Т.И. Епишко, В. А. Дойлидов, Д. А. Каспирович, О. А. Епишко, В. П. Ятусевич, Л. А. Танана, Н. Б. Зайцева : монография – Витебск: ВГАВМ, 2012. – 256 с.
3. Кононова, Л.В., Интенсификация селекционного процесса на основе ДНК-тестирования / Л.В. Кононова, Л.М. Смирнова // Известия Горского государственного аграрного университета. 2016. Т. 53. № 2. С. 162-166.
4. Рачков, И.Г. Селекция свиней на стресс-чувствительность и мясность при выведении нового мясного типа / И.Г. Рачков, В.В. Семенов, Л.В. Кононова, В.И. Лозовой, Л.М. Смирнова, Л.В. Ворсина // Сборник научных трудов Всероссийского научно-исследовательского института овцеводства и козоводства. 2014. Т. 1. № 7 (1). С. 102-105.
5. Рыбалко, В.П., Полиморфизм генов H-FABP, ESR и их роль в формировании продуктивности свиней мясных пород / В.П. Рыбалко, В.В. Семенов, И.Г. Рачков, О.В. Плужникова, А.Р. Каграманов, Л.В. Кононова, Е.И. Сердюков, В.И. Лозовой // Доклады Российской академии сельскохозяйственных наук. 2012. № 5. С. 44-46.
6. Селионова, М.И. Продуктивные качества чистопородных и гибридных свиней разных генотипов RYR-1 гена / М.И. Селионова, Т.И. Антоненко, О.В. Плужникова // В сборнике: Научные основы повышения продуктивности сельскохозяйственных животных Сборник научных трудов 5-ой Международной научно-практической конференции. Главный редактор Горковенко Л.Г.. 2012. С. 20-21.
7. Семенов, В.В. Экономическая эффективность использования генной диагностики стресс-устойчивости при откорме свиней / В.В. Семенов, Л.В. Кононова, О.В. Плужникова // Сборник научных трудов Всероссийского научно-исследовательского института овцеводства и козоводства. 2010. Т. 3. № 1. С. 50-52.
8. Семенов, В.В. Взаимосвязь гена ESR с воспроизводительными качествами свиней / В.В. Семенов, Л.В. Кононова, В.И. Лозовой // Сборник научных трудов Всероссийского научно-исследовательского института овцеводства и козоводства. 2014. Т. 3. № 7. С. 342-347.
9. Kolacz, R. Genetic progress and health implications in swine breeding / R. Kolacz, P. Cwynar, M. Filis-towicz // *Medycyna Wet.* – 2009. – №65(7). – P. 435-438.
10. The receptor locus for *Escherichia coli* F4ab/F4ac in the pig maps distal to the MUC4-LMLN region / A. Rampoldi [et al.] // *Mamm. Genome.* – 2011. – №22. – P. 122-129.
11. Refined localization of the *Escherichia coli* F4ab/F4ac receptor locus pig chromosome 13 / D. Joller [et al.] // *Anim. Genet.* – 2009. – Vol. 40, №5. – P. 749-752.
12. Rybalko, V.P. Polymorphism of H-FABP and ESR genes and their role in forming productivity of pig meat breeds / V.P. Rybalko, V.V. Semenov, I.G. Rachkov, O.V. Pluzhnikova, A.R. Kagramanov, L.V. Kononova, E.I. Serdyukov, V.I. Lozovoi // *Russian Agricultural Sciences.* 2012. Т. 38. № 5-6. С. 393.