

ВЛИЯНИЕ КОМПЛЕКСНЫХ ГЕНОТИПОВ ХРЯКОВ ПО ГЕНАМ ECR F18/FUT1, MUC4 (IN 17) И MUC4 (IN 7) НА СОХРАННОСТЬ ПОРОСЯТ-СОСУНОВ

И.Л. Юрашевич, А.А. Курс, 3 курс

Научный руководитель – Д.А. Каспирович, к.с.-х.н.

Полесский государственный университет

Селекция на высокую продуктивность эффективнее при отборе животных устойчивых к заболеваниям, так как высокопродуктивные животные в идеале должны быть здоровы и свободны от инфекций и инвазий [1, 4].

В странах с развитым свиноводством в качестве генетических маркеров чувствительности поросят к колибактериозу рассматриваются гены ECR F18/FUT1 и MUC4.

У животных устойчивых к колибактериозу бактерии *E. coli* не удерживаются на клетках слизистой оболочки кишечника, так как на них отсутствуют соответствующие факторы прикрепления [2].

К специфическим адгезинам при колибактериозе молодняка свиней относятся F18 и F4 (K 88) [5, 6].

В гене ECR F18/FUT1 выявлен полиморфизм, обусловленный точковой мутацией A→G в позиции 307. Поросята генотипов GG и AG предположительно восприимчивы к колибактериозу, AA – устойчивы [3].

У гена MUC4 установлены две точковые мутации (C→G в 7 интроне и A→G в 17 интроне), ассоциированные с предрасположенностью поросят к колибактериозу и их гибелью в первые недели жизни [7].

Каждая изучаемая мутация ДНК-маркеров может быть связана с целым спектром продуктивных показателей животных. Это говорит о необходимости проведения оценки животных по комплексу генотипов [1].

Поэтому целью нашей работы явилась оценка влияния комплексных генотипов хряков-производителей по локусам генов ECR F18/FUT1, MUC4 (in 7) и MUC4 (in 17) на сохранность их потомства, а также на репродуктивные качества покрытых ими свиноматок.

Объектом исследования были хряки-производители и поросята-сосуны белорусской крупной белой породы, разводимые в ОАО «СГЦ «Западный» Брестского района. ПЦР-ПДРФ-анализ проводился в НИЛ промышленной и фундаментальной биотехнологий УО «Полесский государственный университет» и ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси».

В группе производителей в зависимости от концентрации желательных аллелей установлены следующие генотипы: ECR F18/FUT1^{GG} MUC4 (in 7)^{CC} MUC4 (in 17)^{GG} и ECR F18/FUT1^{AG} MUC4 (in 7)^{CC} MUC4 (in 17)^{AG} – 66,7 %; ECR F18/FUT1^{GG} MUC4 (in 7)^{CC} MUC4 (in 17)^{AA} и ECR F18/FUT1^{AG} MUC4 (in 7)^{CC} MUC4 (in 17)^{AA} – 33,3 %.

Сохранность поросят-сосунов повышалась по мере увеличения в комплексных генотипах хряков удельного веса желательных аллелей (рисунок).

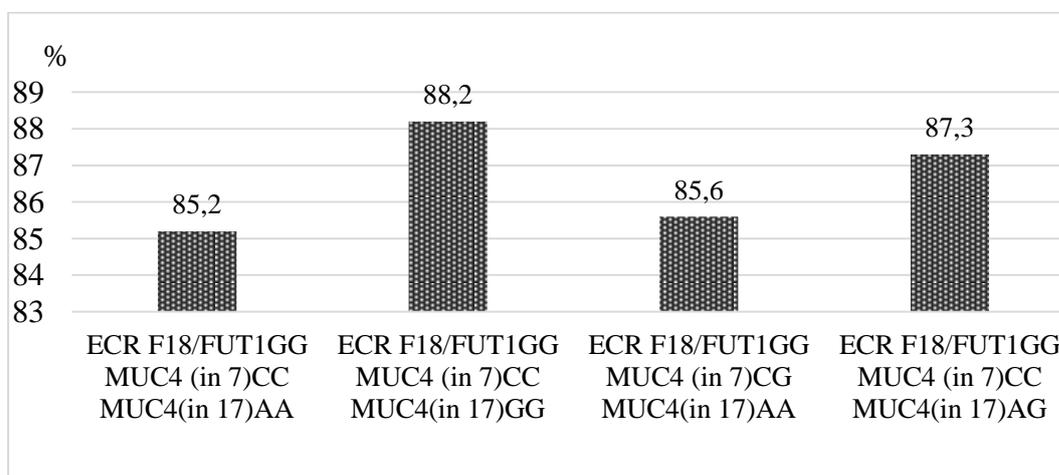


Рисунок – Влияние комплексных генотипов хряков по ДНК-маркерам ECR F18/FUT1, MUC4 (in 7) и MUC4 (in 17) на сохранность поросят к отъему

По средним показателям сохранности поросят отцовские генотипы с концентрацией желательных аллелей 66,7% превосходили генотип с концентрацией 33,3% на 2,4 п.п. Сохранность потомков хряков генотипа ECR F18/FUT1^{GG} MUC4 (in 7)^{CC} MUC4 (in 17)^{GG} была достоверно ($P \leq 0,05$) выше сохранности поросят, полученных от хряков генотипа ECR F18/FUT1^{GG} MUC4 (in 7)^{CC} MUC4 (in 17)^{AA}, на 3 п.п.

Далее было изучено влияние комплексных генотипов хряков на другие репродуктивные качества свиноматок (таблица).

Таблица – Влияние концентрации желательных аллелей в комплексных генотипах хряков по ДНК-маркерам ECR F18/FUT1 MUC4 (in 7) и MUC4 (in 17) на репродуктивные качества свиноматок

Концентрация желательных аллелей ECR F18/FUT1C и MUC4 (in 17)G в комплексных генотипах хряков	Кол-во опоросов	Многоплодие, гол.	Крупноплодность, кг	Масса 1 головы при отъеме, кг
66,7	68	11,8±0,17	1,18±0,01	7,4±0,10
33,3	187	11,7±0,10	1,18±0,01	7,3±0,05

Как видно из таблицы 1, основные репродуктивные качества свиноматок, покрытых хряками генотипов с установленными концентрациями желательных аллелей, находились почти на одном уровне и не имели достоверных различий.

Результаты проведенных нами исследований позволяют сделать следующие выводы:

1. В группе протестированных хряков отсутствовали носители комплексных генотипов, полностью свободных от нежелательных аллелей. Была установлена тенденция к росту показателя сохранности потомства с увеличением в комплексных генотипах удельного веса желательных аллелей. Средний показатель сохранности поросят к отъему по генотипам с концентрацией желательных аллелей 66,7% превосходил показатель генотипа с концентрацией 33,3% на 2,4 п.п. Кроме того, хряки с генотипом ECR F18/FUT1^{GG} MUC4 (in 7)^{CC} MUC4 (in 17)^{GG} достоверно ($P \leq 0,05$) превосходили по сохранности потомков к отъему хряков с генотипом ECR F18/FUT1^{GG} MUC4 (in 7)^{CC} MUC4 (in 17)^{AA} на 3 п.п.

2. Выявленные генотипы хряков не оказывали существенного влияния на показатели многоплодия, крупноплодности и массы поросенка при отъеме.

Список использованных источников

1. Дойлидов, В.А. Этология, Раздел 1: Общая этология (курс лекций) / В.А. Дойлидов, Е.Н. Ляхова; Учреждение образования «Витебская ордена «Знак Почета» государственная академия ветеринарной медицины». – Витебск, 2005. – 50 с.
2. Каспирович, Д.А. Влияние полиморфизма гена ECR F4 (MUC 4) на воспроизводительные способности хряков и репродуктивные качества свиноматок крупной белой породы / Д.А. Каспирович, В.А. Дойлидов, Н.А. Лобан //Ученые записки Витебской государственной академия ветеринарной медицины. – Витебск, 2008. – Т. 44, вып. 1. – С. 200-203.
3. Коновалова, Е.Н. Исследование гена рецептора E.coli F18 во взаимосвязи с хозяйственно-полезными признаками / Е.Н. Коновалова, Е.А. Гладырь, Н.А. Зиновьева; Современные достижения и проблемы биотехнологии сельскохозяйственных животных: Мат. Межд. Научн. Конф. – Дубровицы, 2003. – С. 112-117.
4. Максимович, В.В. Инфекционные болезни свиней / В.В. Максимович. – Витебск: УО ВГАВМ, 2007. – 373 с.
5. Молекулярная генная диагностика в свиноводстве Беларуси / Н.А. Лобан [и др.] – Дубровицы, ВИЖ, 2005. – С. 42.
6. Шмаков, Ю.И. Изучение связи полиморфизма гена рецептора E.Coli F18 / FUT 1 с локусами количественных признаков свиней / Ю.И. Шмаков, Н.А. Зиновьева; Свиноводство: Мат. Межд. Науч.-практ. конф. – Дубровицы, 2004. – Т. 2. – С. 81-86.
7. Linkage and comparative mapping of the locus controlling susceptibility towards E.coli F4 ab/ac diarrhoea in pigs / С. В. Jorgensen [et al.] // Cytogenet Genome Res. – 2003. – №102. – P.157-162.