

**ПОЛИМОРФИЗМ ПОПУЛЯЦИЙ ХРЯКОВ–ПРОИЗВОДИТЕЛЕЙ
ОТЕЧЕСТВЕННОЙ СЕЛЕКЦИИ И ЗАПАДНЫХ ПОРОД ПО ЛОКУСУ ГЕНА
ESR F18/FUT1**

Д.А. КАСПИРОВИЧ¹, О.А. ЕРМАК¹, С.В. РЯБЦЕВА², С.А. РАЗУВАНОВ²

¹Полесский государственный университет

г. Пинск, Республика Беларусь

²ОАО «СГЦ «Западный»

Брестский район, Республика Беларусь

Введение. В свиноводстве кишечные расстройства находятся среди самых широко распространенных и серьезных проблем, следствием которых являются ежегодные экономические потери.

Одной из основных причин, вызывающих высокую смертность поросят в неонатальный период, является колибактериоз, лечение и профилактика которого осложнены из-за широкой вариабельности свойств и множественной устойчивости возбудителя к различным антибактериальным препаратам.

Колибактериоз – острая инфекционная болезнь молодняка свиней, характеризующаяся поносом, тяжелой интоксикацией и обезвоживанием организма, а также расстройством сердечно-сосудистой и центральной нервной системы [1].

Возбудитель – *E. coli* – грамтрицательная бактерия с закрученными концами, длиной 2–3 и шириной 0,4–0,6 мкм [9]. Обладает подвижностью за счет жгутиков расположенных по всей поверхности клеточной стенки [2].

Известно, что кишечная палочка – это постоянный обитатель кишечника всех животных, оказывающий несомненную пользу в ходе пищеварения при нормальном состоянии организма. Одна-

ко при ослаблении его сопротивляемости и нарушении деятельности кишечника свойства *E. coli* изменяются, и она может отрицательно влиять на здоровье животных [5].

Серогруппы *E. coli*, имеющие пилы, продуцируют специфические адгезины – факторы прикрепления к соответствующим рецепторам энтероцитов тонкого кишечника. Таким образом, патогенные *E. coli* защищены от механического удаления вместе с содержимым кишечника или в результате перистальтики кишечника. В результате – поступающие токсины прекращают жидко абсорбирующую деятельность эпителиальных клеток, что приводит к развитию диареи.

Одним из специфических адгезинов, которые играют наиболее важную роль, является F18. *E. coli* с типом фимбрий F18 – причина послеотъемной диареи. Данный недуг приводит к гибели большей части заболевших особей [7, 10, 11].

Заболеваемость молодняка колибактериозом среди неблагополучных свиноводческих хозяйств Беларуси составляет порядка 90%, при этом летальность достигает 40%. Экономический ущерб от заболевания представлен не только недополученной продукцией, но и затратами на лечение больных животных, специфическую профилактику заболевания.

Широкое распространение колибактериоза в хозяйствах промышленного типа обусловлено высокой концентрацией животных на ограниченной площади, невыполнением ветеринарно-санитарных норм на свинофермах, отсутствием эффективных мер борьбы [4].

В ветеринарной практике для защиты молодняка от колибактериоза применяют вакцинацию свиноматок. Однако недостатком этого способа является высокая стоимость вакцин и мероприятий по вакцинации животных.

Причиной полиморфизма гена ECR F18/FUT1 является точечная мутация A→G в позиции 307. Свиные генотипов ECR F18/FUT1^{GG} и ECR F18/FUT1^{AG} восприимчивы к колибактериозу, а особи генотипа ECR F18/FUT1^{AA} – устойчивы [3, 6, 8, 12].

В настоящее время в странах с развитым свиноводством в целях профилактики распространения колибактериоза селекционными программами предусмотрено обязательное тестирование родительских форм по гену ECR F18/FUT1. Селекция генетически устойчивых особей является наиболее эффективным и экономически выгодным способом борьбы с данным заболеванием.

Поэтому с целью создания конкурентно способных экспортируемых свиней пород белорусской селекции и выхода на европейские стандарты, а также с целью сокращения потерь молодняка свиней в послеотъемный период необходимо проводить мониторинг племенных животных на полиморфизм гена ECR F18/FUT1.

Цель работы – изучение полиморфизма популяций хряков-производителей отечественных и зарубежных пород по локусу гена ECR F18/FUT1.

Материалы и методика исследований. Работа выполнялась в рамках договора № Б13М-173 от 16.04.2013 г., заключенного с белорусским республиканским фондом фундаментальных исследований.

Объект исследований – хряки-производители пород отечественной селекции (белорусская крупная белая), западных пород (ландрас, дюрок), а также помесные животные сочетания белорусская мясная × ландрас.

В качестве биологического материала для проведения ДНК-анализа использован эякулят животных, разводимых в СГЦ «Западный» Брестского района, СГЦ «Заднепровский» Оршанского района Витебской области.

Из биологического материала перхлоратным методом выделялась ДНК для последующего генетического анализа. Предварительно были оптимизированы тест-системы для выявления полиморфных вариантов гена ECR F18/FUT1 методом ПЦР-ПДРФ на базе НИЛ «Лонгитудинальных исследований» УО «Полесский государственный университет» и ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси».

По результатам ДНК-анализа была изучена генетическая структура популяций хряков-производителей исследуемых пород, в частности рассчитаны частоты встречаемости аллелей и генотипов.

Результаты исследований. Из биологического материала перхлоратным методом была выделена ДНК для последующего проведения ПЦР-ПДРФ-анализа по локусу гена ECR F18/FUT1. По результатам генотипирования мы изучили генетическую структуру популяций хряков-производителей отечественной селекции и западных пород. Первоначально были рассчитаны частоты встречаемости аллелей гена ECR F18/FUT1 в популяциях хряков белорусской крупной белой породы и хряков западных пород. Результаты представлены на рисунке 1.

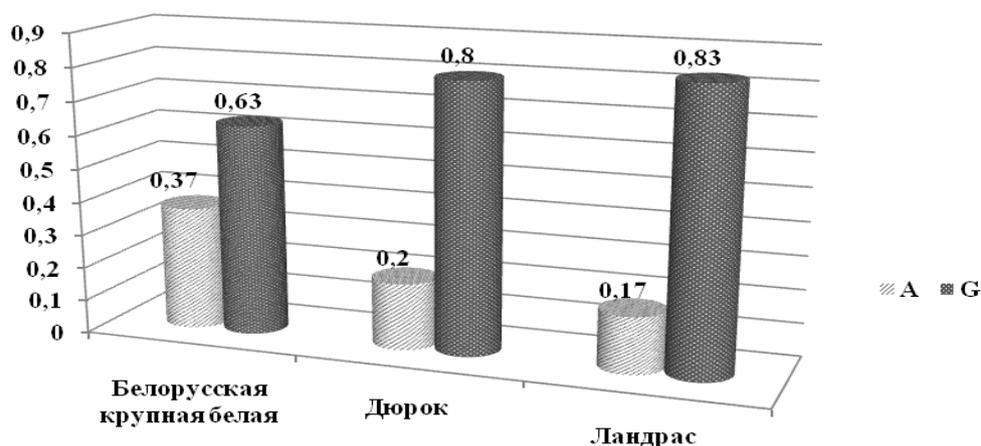


Рисунок 1 – Частоты встречаемости аллелей гена ECRF18/FUT1 в популяциях хряков белорусской крупной белой породы и хряков западных пород

Согласно литературным данным, частота встречаемости устойчивого к колибактериозу аллеля ECR F18/FUT1^A в популяциях животных европейских пород свиней варьирует от 22% (польский ландрас) до 69% (Mangalitsa).

На межпородном уровне наивысшая частота встречаемости аллеля ECR F18/FUT1^A нами была установлена среди животных породы белорусская крупная белая – 0,37.

У животных породы дюрок и ландрас частота встречаемости данного аллеля составила 0,2 и 0,17.

Также нами была установлена относительно высокая частота встречаемости мутантного аллеля ECR F18/FUT1^G. Так, в структуре популяции хряков белорусской крупной белой породы частота этого аллеля составила 0,63, в популяции хряков породы ландрас – 0,83.

Далее нами были рассчитаны частоты встречаемости генотипов по локусу гена ECR F18/FUT1 в исследуемых популяциях хряков–производителей. Результаты представлены в таблице 1.

Таблица 1 – Генетическая структура популяций хряков по локусу гена ECR F18/FUT1

Породы	n	Частоты генотипов, %		
		AA	AG	GG
Белорусская крупная белая	23	21,7	30,4	47,9
Дюрок	22	4,5	31,8	63,7
Ландрас	12	8,3	16,7	75

Была установлена относительно высокая частота генотипа ECR F18/FUT1^{AA} в популяции хряков белорусской крупной белой породы – 21,7%. Меньшими частотами отличались популяции хряков пород ландрас и дюрок – 8,3% и 4,5%, соответственно.

На долю гетерозиготного генотипа ECR F18/FUT1^{AG} пришелся достаточно большой удельный вес – среди протестированных животных белорусской крупной белой породы и породы дюрок частоты составили 30,4% и 31,8%, соответственно.

Среди популяций хряков–производителей практически все исследуемые породы отличались высокой частотой встречаемости восприимчивого генотипа ECR F18/FUT1^{GG}: белорусская крупная белая порода – 47,9%, дюрок – 63,7%, ландрас – 75%.

Также нами были рассчитаны частоты встречаемости аллелей гена ECR F18/FUT1 в популяции помесных хряков сочетания белорусская мясная × ландрас. Результаты представлены на рисунке 2.

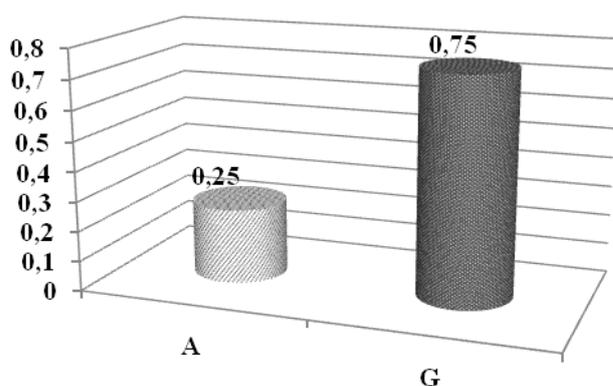


Рисунок 2 – Частоты встречаемости аллелей гена ECR F18/FUT1 в популяции помесных хряков (БМ × Л)

Как видно из рисунка 2, частота встречаемости восприимчивого аллеля ECR F18/FUT1^G достаточно велика – она составила 0,75.

Следующим шагом мы рассчитали частоты встречаемости генотипов по локусу исследуемого гена в популяции помесных хряков. Результаты представлены в таблице 2.

Таблица 2 – Генетическая структура популяции помесных хряков по локусу гена ECR F18/FUT1

Сочетание родительских форм	n	Частоты генотипов, %		
		AA	AG	GG
Белорусская мясная × ландрас	8	–	50	50

Как видно из таблицы 2, генотипа ECR F18/FUT1^{AA} среди подопытных животных выявлено не было.

Частоты встречаемости генотипов ECR F18/FUT1^{AG} и ECR F18/FUT1^{GG} распределились поровну – по 50%.

Заключение. Таким образом, в ходе проведенных нами исследований были установлены невысокие частоты встречаемости предпочтительного аллеля ECR F18/FUT1^A в исследуемых популяциях животных: белорусская крупная белая порода – 0,37; помесные животные сочетания белорусская мясная × ландрас – 0,25; ландрас – 0,17 и дюрок – 0,2. При этом частота встречаемости генотипа ECR F18/FUT1^{AA} составила: белорусская крупная белая порода – 21,7%; ландрас – 8,3% и дюрок – 4,5%. У хряков сочетания белорусская мясная порода × ландрас данного генотипа выявлено не было.

В тоже время установлена достаточно высокая частота встречаемости нежелательного генотипа ECR F18/FUT1^{GG} – от 47,9 (белорусская крупная белая порода) до 63,7%(дюрок).

Полученные результаты свидетельствуют о необходимости в ДНК-анализе импортируемых и отечественных пород свиней по локусу гена ECR F18/FUT1 с целью создания устойчивых к колибактериозу стад.

ЛИТЕРАТУРА

1. Анисим, И. А. Патологоанатомическая диагностика инфекционных болезней свиней / И. А. Анисим [и др.]; под ред. М. С. Жакова. – Минск: Ураджай, 1980. – 135 с.: ил.
2. Болезни сельскохозяйственных животных / П. А. Красочко [и др.]; науч. ред. П. А. Красочко. – Минск: Бизнесофсет, 2005. – 800 с.
3. Василюк, О. Я. Возможности снижения заболеваемости поросят колибактериозом методами молекулярной генной диагностики / О. Я. Василюк, Н. А. Лобан // Ветеринарная медицина Беларуси. – 2005. – № 7. – С. 12–14.
4. Волкова, М. В. Методы лечения и профилактики колибактериоза свиней / М. В. Волкова, В. Н. Ласковый // Аграрная наука. – 2005. – № 12. – С. 23–25.

5. Гутковский, А. А. Колибактериоз телят и поросят / А. А. Гутковский, Г. Л. Дворкин. – Минск: Ураджай, 1989. – 160 с.: ил
6. Левитчинков, А. Н. Генетический статус свиней по гену рецептора E. coli F18 (ECRF18 / FUT1) у свиней ЗАО ПЗ «Заволжское» Тверской области / А. Н. Левитчинков, Н. А. Зиновьева, К. М. Шаырина // Современные достижения и проблемы биотехнологии сельскохозяйственных животных: материалы 6-ой Международной научной конференции, Дубровицы, 19–20 декабря 2006 г. / ВИЖ. – Дубровицы, 2006. – С. 123–125.
7. Лобан, Н. А. Влияние полиморфизма гена рецептора E. Coli на проявление колибактериоза и признаки продуктивности свиней / Н. А. Лобан, О. Я. Василюк // Ветеринарная медицина Беларуси. – 2004. – № 2. – С. 6–7.
8. Лобан, Н. А. Молекулярная генная диагностика в свиноводстве Беларуси / Н. А. Лобан, Н. А. Зиновьева, О. Я. Василюк. – Дубровицы: ВИЖ, 2005. – 42 с.
9. Справочник врача ветеринарной медицины / под ред. А. И. Ятусевича. – Минск: Техноперспектива, 2007. – 971 с.
10. Fairbrother, J. M. Escherichia coli in postweaning diarrhea in pigs: an update on bacterial types pathogenesis and prevention strategies / J. M. Fairbrother, É. Nadeau, C. L. Gyles // Animal Health Research Reviews. – 2005. – Vol. 6. – P. 17–39.
11. Gaastra, W. Host specific fimbrial adhesin set noninvasive enterotoxigenic E. coli strains / W. Gaastra, F. Graaf // Microbiol. Rev. – 1982. – Vol. 46, N 2. – P. 129–161.
12. Two alpha (1,2) fucosyltransferase genes on porcine chromosome 6q11 are closely linked to the blood group inhibitor (s) and Escherichia coli F18 receptor (ECR F18R) loci / E. Meijerink [et al.] // Mamm. Genome. – 1997. – Vol. 8 (10). – P. 736–741.