

ПОЛИМОРФИЗМ ПОПУЛЯЦИЙ СВИНЕЙ ОТЕЧЕСТВЕННЫХ И ЗАПАДНЫХ ПОРОД ПО ЛОКУСУ ГЕНА MUC4*Е.А. Капиевич, 4 курс**Научный руководитель – Н.А. Глинская, ассистент
Полесский государственный университет*

Свиноводство – одна из ведущих отраслей животноводства Республики Беларусь. Имеющийся уровень объемов свинины производимой в стране обеспечивает как внутренние потребности, так и позволяет ее экспортировать. [1, с. 6]. Одной из задач селекционеров является повышение эффективности племенной работы в свиноводстве. Как показывает практика развитых стран, достичь ожидаемых результатов в отрасли без внедрения последних достижений молекулярной генетики нереально [2, с. 164]. Все большее значение приобретает внедрение в классическую селекцию методов оценки животных по генетическим маркерам. Они открывают новые возможности для изучения закономерностей формирования ценных ассоциаций генов, что позволяет строить селекцию на принципиально новой основе.

Известно, что селекция на высокую продуктивность животных должна включать отбор на генетическую устойчивость к инфекционным и паразитарным заболеваниям, поскольку в идеале высокопродуктивные животные должны быть здоровы и свободны от инфекций и инвазий.

В структуре заболеваний свиней большой удельный вес приходится на колибактериоз. Данное заболевание стало представлять серьезную проблему, как для ферм, так и для крупных свиноводческих комплексов. Экономический ущерб складывается из затрат на лечение больных животных, специфическую профилактику болезни, недополучения продукции в результате падежа поросят и последующего снижения продуктивности (до 30%) у переболевших животных.

В ветеринарной практике для защиты поросят от неонатальной диареи, связанной с *E. coli*, применяют вакцинацию свиноматок. Однако недостатком этого способа является высокая стоимость вакцин и мероприятий по вакцинации и, вместе с тем, невозможность получения высокой гарантии излечения животных [3, с. 321].

Одним из перспективных путей совершенствования специфической профилактики к колибактериозу является проведение селекционных мероприятий, направленных на повышение генетической устойчивости молодняка к данному заболеванию.

В настоящее время в числе генетических маркеров, представляющих практический интерес для свиноводства, рассматривается ген-рецептор MUC4 (интроны 7 и 17), обуславливающий предрасположенность свиней к колибактериозу.

В связи с чем, целью нашей работы явилось изучение полиморфизма популяций свиней пород белорусской и зарубежной селекции по локусу гена MUC4.

В качестве объекта исследований использованы свиноматки, хряки-производители и молодняк пород отечественной (белорусской крупной белой и белорусской мясной) и западной селекции (дюрок, ландрас), а также помесные животные сочетания белорусской мясной × ландрас.

В качестве биологического материала для проведения ДНК-анализа использовалась хрящевая ткань и сперма. ДНК из биопроб выделялась перхлоратным методом. Генотипирование проводили посредством ПЦР-ПДРФ анализа. В ходе исследований использовались методы популяционной генетики.

По результатам генотипирования животных по локусу гена MUC4 (интрон 17) были рассчитаны частоты встречаемости аллелей и генотипов. Было установлено, что в геномах подопытных животных наибольший удельный вес приходился на нежелательный аллель MUC4^A. Наименьшая частота встречаемости данного аллеля была характерна для популяции хряков породы дюрок, а наивысшая – для хряков породы ландрас – 0,73 и 1,0 соответственно. Среди свиноматок частота аллеля MUC4^A составила 0,78, а среди хряков – 0,83.

Анализ данных частот встречаемости генотипов по гену MUC4 (интрон 17) показал, что у животных исследуемых пород по данному гену преобладал крайне нежелательный генотип MUC4^{AA}: белорусская крупная белая порода – 60,4%; дюрок – 59,1%; ландрас – 100%; помесные животные сочетания БМ × Л – 87,5%. Среди животных таких пород как белорусская крупная белая и ландрас желательного генотипа MUC4^{GG} выявлено не было. На долю гетерозиготного генотипа приходилось от 12,5% (помесные хряки) до 39,6% (животные основной отечественной породы).

Аналогичные исследования были проведены по локусу гена MUC4 (интрон 7), в частности был изучен полиморфизм популяций свиней отечественных и западных пород, разводимых в СГЦ «Заднепровский» Оршанского района Витебской области и в «Западный» Брестского района. По результатам генотипирования животных были рассчитаны частоты аллелей и генотипов. Частоты встречаемости мутантного аллеля MUC4^G гена муцин-4 в популяциях животных исследуемых пород варьировала в достаточно широком диапазоне – от 0,09 среди хряков белорусской мясной породы, разводимых в СГЦ «Заднепровский», до 0,5 среди свиноматок белорусской крупной белой породы, разводимых в ПЗ «Порплище».

У хряков породы дюрок, разводимых в СГЦ «Западный», мутантного аллеля MUC4^G выявлено не было. Это обусловлено высоким селекционным давлением – переболевший и, соответственно, ослабленный молодой браковался и не допускался для ремонта стада.

Гомозиготный генотип по мутантному аллелю MUC4^G был установлен лишь в популяции животных белорусской крупной белой породы, разводимых в племенном заводе «Порплище». Частота встречаемости данного генотипа у свиноматок составила 22,7%, у хряков-производителей – 6,25%, в общем по популяции – 18,5%.

Наивысшая частота встречаемости генотипа MUC4^{CC} была установлена у хряков породы дюрок – 100%. Несколько меньшая, но высокая частота встречаемости этого полиморфного варианта гена была установлена в популяциях животных белорусской мясной (СГЦ «Заднепровский») и белорусской крупной белой пород (СГЦ «Западный») – 80,3 и 75,0% соответственно.

В популяциях животных белорусской крупной белой породы, разводимых в ПЗ «Порплище» и СГЦ «Заднепровский», около половины особей (55,3 и 50,8% соответственно) были гетерозиготными по локусу гена MUC4 (интрон 7).

Таким образом, в популяциях животных исследуемых пород были установлены высокие частоты встречаемости аллелей MUC4^A (интрон 17) и MUC4^G (интрон 7), которые, по утверждению зарубежных ученых, обуславливают высокую чувствительность к колибактериозу. Это свидетельствует о рациональности генотипирования животных отечественных и западных пород по данному гену-маркеру. ДНК-анализ по гену MUC4 позволит выявлять животных нежелательного генотипа на ранних стадиях развития, а также комбинировать сочетания родительских генотипов в схемах подбора с целью повышения сохранности потомства.

Список использованных источников

1. Беззубов, В.И. Корма и кормление – важнейшие составляющие продуктивности свиней / В.И. Беззубов // Сб. науч. тр.: Зоотехническая наука Беларуси. – Жодино, 2013. – Т. 48. – Ч. 2. – С. 3–7.
2. Оценка развития и репродуктивных признаков свиней породы ландрас на линейном уровне / Н.В. Приступа [и др.] // Сб. науч. тр.: Зоотехническая наука Беларуси. – Жодино, 2011. – Т. 46. – Ч. 1. – С. 164–170.
3. Bertschinger, H.U. Control of Escherichia coli infection in weaned pigs путем of oral immunization combined with a diet low in nutrients. i Litter productivity \ H.U. Bertschinger, H. Jucker, H.P. Pfirter // Anim. Product. | 1992. – Vol. 52, w. 2. – P. 321–328.