

**ПОЛИМОРФИЗМ ПОПУЛЯЦИЙ СВИНЕЙ ИССЛЕДУЕМЫХ ПОРОД ПО ЛОКУСАМ
ГЕНОВ ECRF18/FUT1***В.М. Королевич, 4 курс**Научный руководитель – Д.А. Каспирович, к. с.-х. н., доцент
Полесский государственный университет*

Желудочно-кишечные болезни в свиноводстве широко распространены и поэтому наносят значительный ущерб, так как являются одной из главных причин высокой смертности свиней, в том числе молодняка. К таким заболеваниям относится колибактериоз.

Колибактериоз – острое инфекционное заболевание, которое вызывает у поросят профузный понос, септицемию, интоксикацию, обезвоживание организма [1].

Возбудителем колибактериоза является *E. coli* – грамотрицательная бактерия с закрученными концами, длиной 2-3 и шириной 0,4-0,6 мкм [4]. Обладает подвижностью за счет жгутиков, которые расположены по всей поверхности клеточной стенки [2].

Как известно, кишечная палочка – это постоянный обитатель кишечника всех животных, оказывающий несомненную пользу в ходе пищеварения. Однако при нарушении деятельности кишечника свойства *E. coli* изменяются, и она может отрицательно влиять на здоровье животных [3].

Колибактериоз стал представлять серьезную проблему как для ферм, так и для крупных свиноводческих комплексов. Экономический ущерб состоит из затрат, связанных с лечением больных животных, специфической профилактикой болезни, недополучением продукции по причине падежа животных, а также снижением продуктивности у переболевших особей.

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

В настоящее время в странах с развитым свиноводством в целях профилактики данного заболевания селекционными программами предусмотрено тестирование племенных животных по локусу гена ECRF18/FUT1, что позволяет отбирать животных нежелательных генотипов и комбинировать в схемах подбора родительские формы.

В связи с этим целью нашей работы явилось изучение полиморфизма популяций хряков-производителей отечественных и зарубежных пород по локусу гена ECRF18/FUT1.

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 использованы куляты животных.

Из биологического материала перхлоратным методом была выделена ДНК для последующего проведения ПЦР-анализа по гену ECR F18/FUT1. Предварительно были оптимизированы тест-системы для выявления полиморфных вариантов гена ECRF18/FUT1 методом ПЦР-ПДРФ анализа на базе НИЛ «Лонгитудинальных исследований» УО «Полесский государственный университет» и ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси».

Поданным зарубежных ученых, животные, несущие мутацию G→A в положении 307-й пары нуклеотидов гена ECR F18/FUT1 являются более предпочтительными в плане повышения устойчивости к колибактериозу. Установлено, что животные генотипа ECR F18/FUT1^{AA} в сравнении с животными генотипа ECR F18/FUT1^{GG} реже заболевают и соответственно их сохранность в различные периоды жизни выше.

Согласно зарубежным данным, частота встречаемости предпочтительного аллеля ECR F18/FUT1^A в популяциях животных западно-европейских пород свиней варьирует от 0,22 (польский ландрас) до 0,69 (Mangalitsa).

Схожие результаты были получены и нами. Так, частота встречаемости аллеля ECR F18/FUT1^A у животных исследованных пород варьировала в диапазоне 0,17-0,37. При этом самые высокие частоты были характерны для хряков-производителей и свиноматок белорусской крупной белой породы.

В генетической структуре популяций животных наибольший удельный вес приходился на генотип ECR F18/FUT1^{GG}. Реже этот генотип встречался в группе свиноматок белорусской крупной белой породы – 44,0%. Наивысшая частота аналогичного генотипа отмечена среди хряков породы ландрас – 75,0%.

Частота встречаемости предпочтительного генотипа ECR F18/FUT1^{AA} у животных всех исследованных животных была низка – от 4,5 среди хряков породы дюрок до 21,7% среди хряков белорусской крупной белой породы.

У помесных животных генотип предпочтительный полиморфный вариант гена ECR F18/FUT1 вовсе отсутствовал.

Частота встречаемости гетерозиготного генотипа ECR F18/FUT1^{AG} находилась между крайними вариантами – от 16,7% в популяции хряков породы ландрас до 50% в популяции помесных животных сочетания БМ × Л.

Таким образом, проведенный ДНК-анализ животных по локусу гена ECR F18/FUT1, позволил установить высокую частоту встречаемости нежелательного аллеля ECR F18/FUT1^G в популяциях племенных хряков и свиноматок исследуемых пород – 0,63-0,83. Также была установлена высокая частота встречаемости крайне нежелательного генотипа ECR F18/FUT1^{GG} – 44-75%.

У хряков-производителей и свиноматок основной отечественной породы (белорусская крупная белая) частоты встречаемости аллеля ECR F18/FUT1^G имели практически одинаковые значения – 0,63 и 0,66, соответственно.

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

Список использованных источников

1. Анисим, И.А. Патологоанатомическая диагностика инфекционных заболеваний свиней /И.А. Анисим [и др.]; под ред. М.С. Жакова. – Минск: Ураджай, 1980. – 135с.: ил.
2. Болезни сельскохозяйственных животных / П.А. Красочко [и др.]; науч. Ред. П.А. Красочко. – Минск: Бизнесофсет, 2005. – 800с.
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. Справочник врача ветеринарной медицины / под ред. А.И. Ятусевича. – Минск: Техноперспектива, 2007.– 971 с.