

УДК 636.4.082

Дойлидов В. А., Каспирович Д. А.

Dojlidov V. A., Kaspirovich D. A.

Комплексные генотипы хряков по ДНК-маркерам устойчивости к колибактериозу ECR F18/FUT1, MUC4 (in 17), MUC4 (in 7) и сохранность поросят за период подсоса

Complex genotypes of boars by DNA-markers of resistance to colibacteriosis ECR F18 / FUT1, MUC4 (in 17), MUC4 (in 7) and piglets during the suction period

В ходе проведенных исследований установлена тенденция к повышению сохранности за подсосный период поросят, полученных от хряков с наличием хотя бы небольшой концентрации желательных аллелей в комплексном генотипе ECR F18/FUT1, MUC4 (in 17) в сравнении с полным их отсутствием. У хряков с комплексными генотипами ECR F18/FUT1, MUC4 (in 7), MUC4 (in 17) средний показатель сохранности поросят к отъему был выше на 2,4 п. п. при концентрации желательных аллелей 66,7 %, чем при концентрации 33,3 %.

Ключевые слова: колибактериоз, комплексный генотип, хряки, сохранность поросят.

In the course of the research was installed a tendency towards an increase in the preservation of piglets obtained from boars with at least a small concentration of desirable alleles in the complex genotype ECR F18 / FUT1, MUC4 (in 17) compared to their complete absence was established for the suckling period. For boars with complex genotypes ECR F18 / FUT1, MUC4 (in 7), MUC4 (in 17), the average rate of preservation of piglets to weaning was higher by 2,4 p. p. at a concentration of desirable alleles of 66,7% than at a concentration of 33,3%.

Keywords: colibacteriosis, complex genotype, boars, preservation of piglets.

Дойлидов Виктор Анатольевич – доцент, кафедра частного животноводства, Витебская ордена «Знак Почета» государственная академия ветеринарной медицины, г. Витебск, Республика Беларусь
Каспирович Дмитрий Анатольевич – доцент, кафедра рыбоводства, Полесский государственный университет, г. Пинск, Республика Беларусь

Тел. (+37529) 210-64-23

E-mail: vanatol@mail/ru

Dojlidov Viktor Anatol'evich – associate professor, department of specialized animal farming, Vitebsk orders «Sign of Honour» state academy of veterinary medicine, Vitebsk, Republic of Belarus

Kaspirovich Dmitriy Anatol'evich – associate professor, department of fish farming, Polesky State University, Pinsk, Republic of Belarus

Tel. (+37529) 210-64-23

E-mail: vanatol@mail/ru

При селекции животных на высокую продуктивность необходимо, по возможности, включать в селекционные мероприятия отбор на генетическую устойчивость к заболеваниям, поскольку высокопродуктивные животные в идеале должны быть здоровы и свободны от инфекций и инвазий [1, 5].

В настоящее время в этой связи, как маркеры, обуславливающие предрасположенность поросят к такому заболеванию как колибактериоз, рассматриваются гены ECR F18/FUT1 и MUC4,.

Вирулентность возбудителя данного заболевания обуславливается возможностью продуцировать специфические адгезины – факторы прикрепления (фибриллярные антигены) к соответствующим рецепторам

энтероцитов кишечника, затем выделяемые токсины прекращают жидкоабсорбирующую деятельность эпителиальных клеток кишечника, что приводит к развитию диареи [4].

Проводившиеся ранее исследования зарубежных и отечественных ученых показали, что предрасположенность поросят к колибактериозу может быть обусловлена генетически. В основе такой устойчивости лежит невозможность удержания бактерий *E. coli* на поверхности клеток слизистой оболочки кишечника из-за отсутствия там соответствующих факторов прикрепления [2].

Из специфических адгезинов при колибактериозе поросят наиболее важную роль играют F18 и F4 (K 88). В основе генетической устойчивости поросят к диарее лежит отсутствие на поверхности клеток кишечника таких животных соответствующих рецепторов [6, 7].

В гене ECR F18/FUT1 выявлен полиморфизм, причиной которого является точковая мутация A → G в позиции 307. Поросята, имеющие генотип GG и AG, предположительно являются восприимчивыми к колибактериозу, AA – устойчивыми [3].

Еще одним из генов, принимающих участие во взаимодействии *E. coli* и кишечных рецепторов, является ген MUC4, влияющий на прикрепляемость энтеротоксигенных бактерий *E. coli* с типом фибрий F4 (K 88) к стенкам кишечника у поросят-сосунов. Данный ген может нести две точковые мутации: C→G в 7 интроне и A→G в 17 интроне, которые способны препятствовать заболеванию поросят колибактериозом и их возможной гибели в первые недели жизни [8].

Необходимо отметить, что каждая из изучаемых мутаций ДНК-маркеров может быть связана с целым спектром продуктивных показателей животных, поэтому желательно проводить оценку генотипов животных не по одной мутации, а по их комплексу [1].

В ходе наших исследований комплексы генов-маркеров были подобраны исходя из задачи повышения сохранности поросят за счет снижения их заболеваемости колибактериозом в раннем возрасте.

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

Исследования были проведены на базе ОАО «СПЦ «Западный» Брестского района. Объектом исследования послужили хряки-производители и поросята-сосуны белорусской крупной белой породы. ПЦР-ПДРФ-анализ проводился в НИЛ промышленной и фундаментальной биотехнологий УО «Полесский государственный университет» и ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси». В качестве биологического материала для определения SNP в генах MUC4 (интроны 7 и 17) и ECR/F18 FUT1 использовали эякуляты.

По результатам ДНК-анализа в двух протестированных группах хряков: по двум ДНК-маркерам – F18/FUT1, MUC4 (in 17) и по трем ДНК-маркерам – ECRF18/FUT1, MUC4 (in 7), MUC4 (in 17) был проведен анализ влияния разных

полиморфных вариантов каждого из комплексных отцовских генотипов на сохранность поросят-сосунов и репродуктивные качества свиноматок.

Результаты генотипирования хряков белорусской крупной белой породы позволили выявить носителей отдельных комплексных генотипов, как по двум, так и сразу по трем изучаемым генам-маркерам.

Исходя из результатов генетического анализа, в группе производителей, протестированных по двум ДНК-маркерам – F18/FUT1 и MUC4 (in 17) – было установлено наличие нескольких комплексных генотипов. Так, в зависимости от концентрации желательных аллелей, были выявлены генотип ECR F18/FUT1GG MUC4 (in 17)AA с полным их отсутствием, а также генотипы ECR F18/FUT1GG MUC4 (in 17)AG и ECR F18/FUT1AG MUC4 (in 17)AA с концентрацией 25,0 %, и генотипы ECR F18/FUT1GG MUC4 (in 17)GG, ECR F18/FUT1AG MUC4 (in 17)AG и ECR F18/FUT1AA MUC4 (in 17)AA с концентрацией 50,0 %.

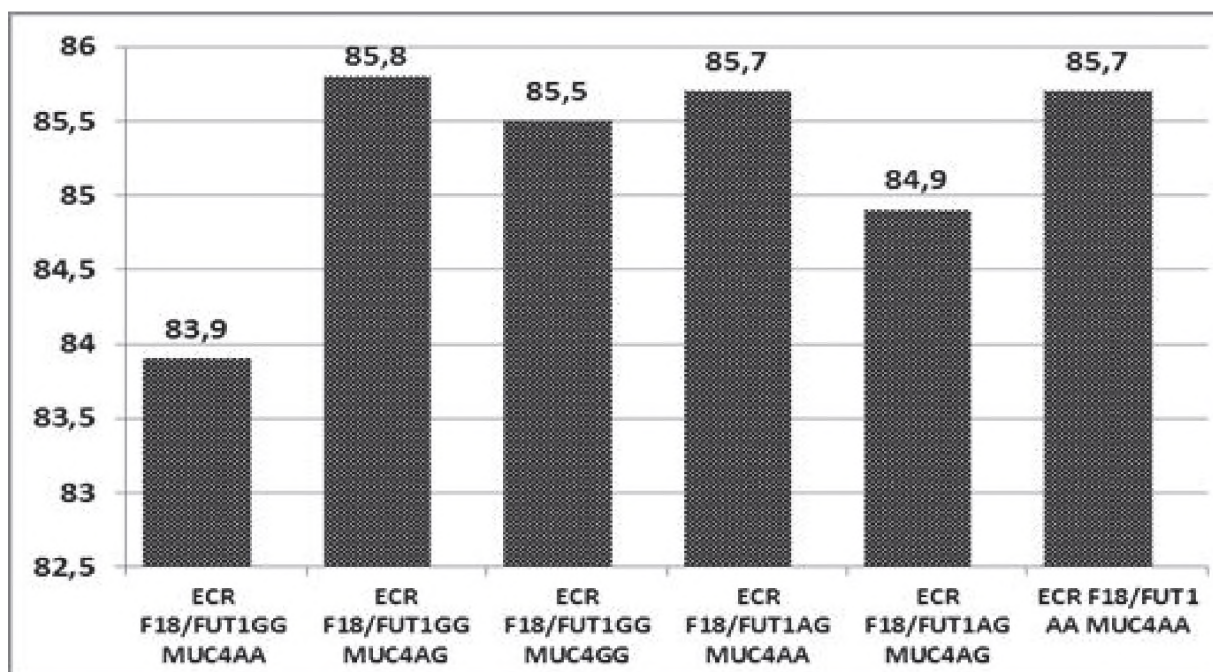


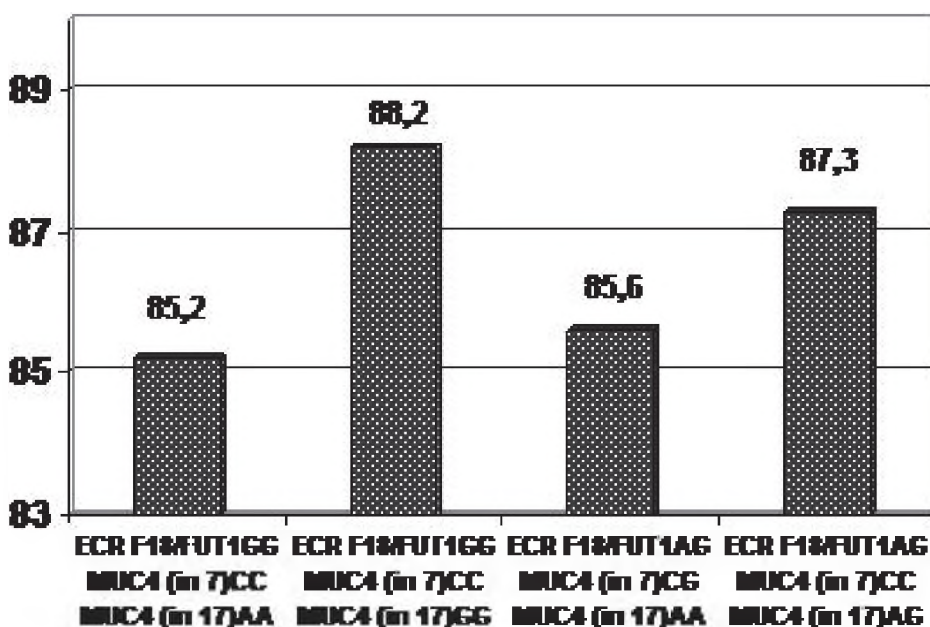
Рисунок 1 – Влияние комплексных генотипов хряков по ДНК-маркерам ECR F18/FUT1 и MUC4 (in 17) на сохранность поросят к отъему

При изучении сохранности потомков хряков с разными аллельными вариантами комплексного генотипа ECR F18/FUT1 MUC4 (in 17) (рисунок 1), была установлена тенденция к росту этого показателя у потомков, полученных от хряков с наличием в генотипе хотя бы небольшой концентрации желательных аллелей в сравнении с полным их отсутствием. Так, по средним показателям сохранности генотипы с концентрацией желательных аллелей 50 и 25 % превосходят нежелательный генотип ECR F18/FUT1^{GG} MUC4 (in 17)^{AA} на 1,9 и 2,2 п. п., соответственно.

Отсутствие существенных различий в сохранности между генотипами хряков с 25 и 50 % концентрацией желательных аллелей в комплексном генотипе (максимальная разница составила 0,9 п. п.) можно объяснить тем, что

на сохранность поросят могли оказать влияние генотипы свиноматок, уравновесившие соотношение негативных и позитивных аллелей. При использовании же хряков с генотипами, где полностью отсутствуют желательные аллели, учитывая то, что наличие в гетерозиготном генотипе поросенка даже одного нежелательного аллеля будет негативно сказываться на его устойчивости к колибактериозу и сохранности, генотипы свиноматок уже не могут выровнять общее соотношение аллелей в положительную сторону.

В группе производителей, протестированных сразу по трем ДНК-маркерам – ECR F18/FUT1, MUC4 (in 7) и MUC4 (in 17) – комплексных генотипов оказалось еще меньше. Так, в зависимости от концентрации желательных аллелей были выявлены 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} с концентрацией 66,7 %, и генотипы ECR F18/FUT1^{GG} MUC4 (in 7)^{CC} MUC4 (in 17)^{AA} и F18/FUT1^{AG} MUC4 (in 7)^{CC} MUC4 (in 17)^{AA} с концентрацией 33,3 %.



Рис

унок 2 – Влияние комплексных генотипов хряков по ДНК-маркерам ECR F18/FUT1, MUC4 (in 7) и MUC4 (in 17) на сохранность поросят к отъему

Была установлена тенденция к росту показателя сохранности потомства с увеличением в комплексных генотипах хряков с тремя ДНК-маркерами удельного веса желательных аллелей (рисунок 2). Так, по средним показателям сохранности генотипы с концентрацией желательных аллелей 66,7 % превосходили генотип с концентрацией 33,3 % на 2,4 п. п. Также было установлено, что 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 3,0 п. п.

Нами также был изучен плейотропный эффект комплексных генотипов хряков, в частности влияние концентрации в них желательных аллелей генов-маркеров на другие репродуктивные качества свиноматок, помимо сохранности (многоплодие, крупноплодность и массу 1 гол. к отъему). Данные представлены

в таблицах 1 и 2.

Таблица 1 – Влияние концентрации желательных аллелей в комплексных генотипах хряков по ДНК-маркерам ECR F18/FUT1 и MUC4 (in 17) на репродуктивные качества свиноматок

Концентрация желательных аллелей ECR F18/FUT1 ^C и MUC4 (in 17) ^G в комплексных генотипах хряков, %	Кол-во опоросов	Многоплодие, гол.	Крупноплодность, кг	Масса 1 гол. при отъеме, кг
0	133	11,4±0,18	1,20±0,01	7,1±0,07
25	225	11,5±0,10	1,20±0,01	7,3±0,05
50	205	11,7±0,11	1,20±0,01	7,2±0,05

Как видно из таблицы 1, средние значения многоплодия, крупноплодности и массы 1 головы при отъеме по генотипам с концентрацией желательных аллелей 25 и 50 % также не имели существенных различий ни с нежелательным генотипом ECR F18/FUT1^{GG}MUC4^{AA}, не содержащим позитивных аллелей, ни между собой.

Таблица 2 – 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/FUT1 ^C и MUC4 (in 17) ^G в комплексных генотипах хряков	Кол-во опоросов	Многоплодие, гол.	Крупноплодность, кг	Масса 1 гол. 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

В дополнение к вышесказанному, при анализе основных репродуктивных качеств свиноматок (таблица 2), покрытых хряками с концентрацией в комплексном генотипе ECR F18/FUT1 MUC4 (in 7) и MUC4 (in 17) желательных аллелей и 66,7 % и 33,3 % достоверных различий также не выявлено.

Результаты проведенных нами исследований позволяют сделать следующие выводы:

1. Установлена тенденция к повышению сохранности поросят-сосунов, полученных от хряков с наличием в комплексном генотипе ECR F18/FUT1 MUC4 (in 17) хотя бы небольшого удельного веса желательных аллелей в сравнении с полным их отсутствием. Так, генотипы с концентрацией желательных аллелей 50 и 25 % по средним показателям сохранности поросят превосходят нежелательный генотип ECR F18/FUT1^{GG} MUC4 (in 17)^{AA} на 1,9 и 2,2 п. п., соответственно.

2. В группе, протестированной по трем ДНК-маркерам ECR F18/FUT1 MUC4 (in 7) и MUC4 (in 17) отсутствовали носители комплексных генотипов,

полностью свободных от нежелательных аллелей. Частота встречаемости животных с наличием нежелательными аллелями сразу по всем локусам составила 25 %. 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 3,0 п. п.

3. При анализе влияния концентрации желательных аллелей изучаемых ДНК-маркеров в обоих комплексных генотипах на другие репродуктивные качества свиноматок, покрытых хряками, существенной разницы по показателям многоплодия, крупноплодности и массы 1 головы при отъеме установлено не было.

Литература:

1. Дойлидов В.А., Ляхова Е. Н. Этология, Раздел 1: Общая этология (курс лекций) / Учреждение образования «витебская ордена «Знак Почета» государственная академия ветеринарной медицины Витебск, 2005. 50 с.
2. Каспирович Д.А., Дойлидов В. А., Лобан Н. А. Влияние полиморфизма гена ECR F4 (MUC 4) на воспроизводительные способности хряков и репродуктивные качества свиноматок крупной белой породы / Ученые записки Витебской государственной академия ветеринарной медицины. – Витебск, 2008. – Т. 44, вып. 1. – С. 200-203.
3. Коновалова Е.Н., Гладырь Е.А., Зиновьева Н.А. Исследование гена рецептора E.coli F18 во взаимосвязи с хозяйственно-полезными признаками / Современные достижения и проблемы биотехнологии сельскохозяйственных животных: Мат. межд. научн. конф. Дубровицы, 2003. С. 112-117.
4. Трухачев В.И., Филенко В.Ф., Поляков В.В. Свиноводство (теория, опыт, практика). Ставрополь, 1999. 328 с.
5. Максимович В.В. Инфекционные болезни свиней.– Витебск: УО ВГАВМ, 2007. 373 с.
6. Молекулярная генная диагностика в свиноводстве Беларуси / Н. А. Лобан [и др.] // Дубровицы, ВИЖ, 2005.– С. 42.
7. Шмаков Ю.И., Зиновьева Н.А. Изучение связи полиморфизма гена рецептора E.Coli F18 / FUT 1 с локусами количественных признаков свиней / Свиноводство: Мат. межд. Науч.-практ. конф. Дубровицы, 2004. т. 2. С. 81-86.
8. 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.
9. The g. 243 A>G mutation in intron 17 of MUC4 is significantly associated with susceptibility/resistance to ETEC F4ab/ac infection in pigs / Q. L. Peng [et al.] // Anim. Genet. 2007. Vol. 38, N 4. P. 397-400.