

УДК 636.4.082.12

## **ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ДНК-МАРКЕРОВ MUC4 И ECR F18/FUT1 В ДИАГНОСТИКЕ УСТОЙЧИВОСТИ СВИНЕЙ К КОЛИБАКТЕРИОЗУ**

**Ковальчук М. А., Ганджа А. И., Журина Н. В., Симоненко В. П.,  
Курак О. П., Леткевич Л. Л., Кириллова И. В., Гридюшко И. Ф.,  
Гридюшко Е. С., Храмченко Н. М.**

РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук  
Беларуси по животноводству»  
г. Жодино, Республика Беларусь

Резистентности животных к наследственным и инфекционным заболеваниям уделяется большое внимание во всех странах мира. Отрасль свиноводства в Республике Беларусь отличается высокой концентрацией поголовья свиней на ограниченной территории, что обуславливает повышенную заболеваемость животных эшерихиозом. Специфической профилактикой наследственных и инфекционных заболеваний является проведение селекционных мероприятий, направленных на повышение генетической устойчивости свиней к различным заболеваниям на основе ДНК-диагностики. В качестве ДНК-маркеров генов рецепторов E. Coli (ECR) рассматривают гены MUC4 и ECR F18/FUT1, ассоциированные с развитием колибактериоза и отечной болезни у поросят.

Исследования проводились в лаборатории молекулярной биотехнологии и ДНК-тестирования РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству». Базовыми хозяйствами были КСУП «СГЦ «Заднепровский» Витебской, КСУП «СГЦ «Западный» Брестской, ОАО «СГЦ «Вихра» Могилевской, ОАО «СГЦ «Заречье» Гомельской, КСУП «Племзавод «Ленино» Могилевской, ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита» Минской областей. Объектом исследования по генам MUC4 (n=893), ECR F18/FUT1 (n=1005) являлись свиньи пород и породных сочетаний: белорусской крупной белой (БКБ), белорусской мясной (БМ), белорусской черно-пестрой (БЧП), ландрас (Л), дюрок (Д), йоркшир (Й), БМ х БКБ, БМ х Л. Генотипирование свиней по генам MUC4 и ECR F18/FUT1 проводили методом ПЦР-ПДРФ.

ДНК-диагностика способствует быстрому выявлению животных, восприимчивых к эшерихиозу, что дает возможность на ранних стадиях развития исключать таких подсвинков из дальнейшей селекции. Полиморфизм гена MUC4 был выявлен у хряков-производителей, свино-

маток и откормочного молодняка. Диагностированы аллели: MUC4<sup>C</sup>, MUC4<sup>G</sup> и идентифицированы генотипы: MUC4<sup>CC</sup> – устойчивый, MUC4<sup>CG</sup> и MUC4<sup>GG</sup> – восприимчивый к эшерихиозу.

Анализ генетической структуры по гену MUC4 показал, что наиболее устойчивой породой из всех изученных является порода дюрок, все животные имели предпочтительный генотип MUC4<sup>CC</sup> без мутации. В среднем по остальным породам и породным сочетаниям концентрация генотипа MUC4<sup>CC</sup> и аллеля MUC4<sup>C</sup> составила: белорусская черно-пестрая – 53,1% и 0,76, белорусская мясная – 56,9% и 0,76, БМ х Л – 63,3% и 0,80. Наименьшая встречаемость животных с данным генотипом MUC4<sup>CC</sup> и аллелем MUC4<sup>C</sup> наблюдалась у следующих пород: белорусская крупная белая – 27,5% и 0,51, йоркшир – 32,5% и 0,55. Таким образом, в среднем из всех протестированных животных около 52,8% являются устойчивыми к колибактериозу.

В качестве ДНК-маркера гена рецептора E. Coli (ECR) рассматривают ген ECR F18/FUT1, ассоциированный с развитием колибактериоза и отечной болезни у поросят. В целом, анализируя частоту встречаемости преимущественного генотипа ECR F18/FUT1<sup>AA</sup> по всем изучаемым породам и породным сочетаниям, можно сделать вывод, что процент животных, устойчивых к колибактериозу, очень низкий.

Анализ генетической структуры пород и породных сочетаний в среднем по гену ECR F18/FUT1 показал, что наименьшая встречаемость животных с устойчивым генотипом ECR F18/FUT1<sup>AA</sup> отмечалась у популяций породы: йоркшир – 1,6%, белорусской черно-пестрой – 2,0%, ландрас – 4,5%. Также было установлено, что наибольшая частота встречаемости желательного генотипа ECR F18/FUT1<sup>AA</sup> и аллеля ECR F18/FUT1<sup>A</sup> наблюдалась у популяций породы дюрок (10,3% и 0,36) и у животных породного сочетания БМхЛ (12,5% и 0,42), в сравнении с другими породами. Очень большой процент животных, чувствительных к колибактериозу с генотипом ECR F18/FUT1<sup>GG</sup>, выявлен у популяций белорусской черно-пестрой породы – 83,7%, БМхКБК – 80,0% и йоркшир – 70,5%.

Таким образом, наши исследования выявили значительные различия частот встречаемости аллелей и генотипов по генам, связанным с генетической устойчивостью свиней к инфекционным заболеваниям MUC4 и ECR F18/FUT1, в зависимости от породы и породного сочетания. Поэтому диагностика свиней по данным генам является необходимой мерой в профилактике кишечных заболеваний.