

НАЦІОНАЛЬНА АКАДЕМІЯ АГРАРНИХ НАУК УКРАЇНИ
ІНСТИТУТ РОЗВЕДЕННЯ І ГЕНЕТИКИ ТВАРИН ІМЕНІ М.В.ЗУБЦЯ

СИРОВНЄВ ГРИГОРІЙ ІГОРОВИЧ

УДК 575.636.4.082.4

**ГЕНИ *ESR F18/FUT1* І *ESR F4/MUC4* ТА ЇХ ВПЛИВ НА
ГОСПОДАРСЬКИ КОРИСНІ ОЗНАКИ СВИНЕЙ У
ЗАКРИТІЙ ПОПУЛЯЦІЇ**

03.00.15 – генетика

Автореферат дисертації на здобуття наукового ступеня
кандидат сільськогосподарських наук

с. Чубинське Київської області – 2021

Дисертацією є рукопис

Робота виконана в Дніпровському державному аграрно-економічному університеті Міністерства освіти і науки України

Науковий керівник: доктор сільськогосподарських наук, професор

Сметанін Володимир Тимофійович, ДВНЗ «Український державний хіміко-технологічний університет» Міністерства освіти і науки України, завідувач кафедри біотехнології

Офіційні опоненти: доктор сільськогосподарських наук, професор

Димань Тетяна Миколаївна, Білоцерківський національний аграрний університет Міністерства освіти і науки України, проректор з освітньої, виховної та міжнародної діяльності;
кандидат сільськогосподарських наук

Шевченко Євген Анатолійович, Черкаська дослідна станція біоресурсів Національної академії аграрних наук України, науковий співробітник відділу біоресурсів та екології

Захист відбудеться 27 квітня 2021 р. о 13 годині на засіданні спеціалізованої вченої ради Д 27.355.01 Інституту розведення і генетики тварин імені М.В.Зубця НААН за адресою: вул. Погребняка, 1, с. Чубинське, Бориспільський район, Київська область, 08321

З дисертацією можна ознайомитись у бібліотеці Інституту розведення і генетики тварин НААН імені М.В.Зубця за адресою: вул. Погребняка, 1, с. Чубинське, Бориспільський район, Київська область, 08321

Автореферат розіслано 26 березня 2021 року

Учений секретар
спеціалізованої вченої ради

О. Д. Бірюкова

ЗАГАЛЬНА ХАРАКТЕРИСТИКА РОБОТИ

Актуальність теми. ДНК-технології дають можливість реалізувати принципово нові підходи в селекції тварин. Насамперед це генетична ідентифікація конкретних особин із наступним генетико-популяційним аналізом, що забезпечує отримання кількісних характеристик генофондів досліджуваних популяцій (М.Ф. Rothschild, 2007; М.В. Зубець, 2010; Н.А. Зиновьева, 2011).

В Україні гостро постала проблема підвищення життєздатності новонародженого молодняку свиней. Однією з основних причин, що викликають зниження збереженості поросят, є шлунково-кишкові захворювання, зумовлені колібактеріозом (В.І. Левченко, 2005).

Лікування і профілактика колібактеріозу ускладнені двома основними чинниками – широкою варіабельністю властивостей і множинною стійкістю збудника до різних антибактеріальних препаратів, а також недостатньою вивченістю молекулярно-генетичних структур *Escherichia coli*, відповідальних за їх патогенні та імуногенні властивості (P. Vögelі, 1996; С.В. Jorgensen, 2005; R. A. Nada, 2011; J. Ren, 2012). Одним з перспективних шляхів вдосконалення специфічної профілактики вказаного захворювання є проведення селекційних заходів, спрямованих на підвищення генетичної стійкості молодняку до колібактеріозу (М.Ф. Rothschild, 2007; Н.А. Зиновьева, 2011; Л.В. Гетманцева, 2011; Д.А. Каспирович, 2012; С.І. Луговий, 2018). У зв'язку із цим практичний інтерес для свинарства має вивчення можливості застосування в селекційному процесі генів рецепторів *E. coli* F18 та F4 (*ECR F18/FUT1* та *ECR F4/MUC4*), пов'язаних із виникненням колібактеріозу в поросят перших двох місяців життя та у післявідлучний період в якості маркерів для створення резистентних до цього захворювання популяцій свиней.

Поліморфізм генів *FUT1* (α -фукозилтрансфераза-1) та *MUC4* (муцин 4) впливає на потенційну можливість ентеротоксичних *E. coli* колонізувати кишківник свиней. Саме у гомозиготних за рецесивними алелями генів *FUT1* та *MUC4* тварин спостерігається стійкість проти захворювань, спричинених кишковою паличкою. Встановлено, що точкові мутації гену *FUT1* (G→A у позиції 307 п.н.) та гену *MUC4* (G→C у позиції 1839 п.н.) асоційовані з колонізацією тонкого кишківника свиней ентеропатогенними *E. coli* та є господарськи корисними (Д.А. Каспирович, 2008; С.О. Костенко, 2013; Г.С. Рудоман, 2014; Ф.Ф. Зиннатова, 2015; О.В. Костюнина, 2016; П.А. Ващенко та ін., 2019).

Виявлення батьківських форм із бажаними генотипами за генами *FUT1* та *MUC4* дозволить отримувати потомство із заданими генотипами та забезпечити більшу стійкість поросят до колібактеріозу і зменшити економічні витрати на утримання та розведення тварин.

Зв'язок роботи з науковими програмами, планами, темами. Дисертаційна робота виконувалась згідно з планом науково-дослідних робіт Дніпровського державного аграрно-економічного університету за темою «Гени *ECR F18/FUT1* і *ECR F4/MUC4* та їх вплив на господарськи корисні ознаки свиней у закритій популяції» (номер держреєстрації 0110U007363).

Мета і завдання дослідження. Метою дисертаційної роботи є проведення генетико-популяційного аналізу генофонду закритої популяції свиней внутрішньопородного типу української м'ясної породи за генами *FUT1* та *MUC4* та встановлення впливу різних генотипів за досліджуваними генами на господарські ознаки тварин в умовах центральної степової зони України.

Для вирішення цієї мети були сформульовані наступні завдання:

- визначити вплив різних алельних форм генів *ECR F18/FUT1* і *ECR F4/MUC4* на стійкість до колибактеріозу;
- удосконалити існуючі ПЛР-ПДРФ тест-системи для ідентифікації генетичного поліморфізму генів *ECR F18/FUT1* і *ECR F4/MUC4* та провести її апробацію;
- оцінити концентрацію різних алелів генів *ECR F18/FUT1* і *ECR F4/MUC4* у генофонді закритої популяції свиней;
- вивчити структуру закритої популяції свиней за генотипами вказаних генів;
- вивчити збереженість та відгодівельні якості молодняку свиней різних генотипів за досліджуваними генами в період підсосу й після відлучення та порівняти їх із відповідними показниками при застосуванні традиційних методів розведення;
- провести моніторинг видового й кількісного складу мікрофлори шлунково-кишкового тракту тварин різних генотипів за генами досліджуваними генами;
- розробити план підбору батьківських форм для створення лінії, стійкої до колибактеріозу.

Об'єкт дослідження: резистентність до патогенних *E. coli* свиней із різними генотипами за генами *MUC4* та *FUT1*.

Предмет досліджень: вплив різних генотипів за генами *MUC4* та *FUT1* на збереженість підсисних та відлучених поросят, показники росту та розвитку, продуктивності та відтворювальної здатності тварин, а також біологічні особливості свиней закритої популяції.

Методи дослідження: зоотехнічні – відбір за бажаними алелями та підбір батьківських форм для схрещування, оцінка тварин за розвитком, відтворювальною здатністю, молекулярно-генетичні – ПЛР-ПДРФ аналіз біоматеріалу, генетико-популяційні – аналіз структури алелофонду за досліджуваними генами з оцінкою консолідації та диференціації, мікробіологічні – визначення кількісно-якісного складу мікрофлори кишківника поросят, біометричні – визначення середніх величин та їх похибок, показників ймовірності результатів експериментів.

Наукова новизна отриманих результатів. Вперше на вітчизняній науково-технічній базі проведено визначення генетичного поліморфізму свиней за генами α -фукозилтрансферази-1 (*FUT1*) та муцину 4 (*MUC4*), що впливають на адгезію ентеропатогенних *E. coli* на клітинах епітелію клітин кишківника поросят.

Вдосконалено існуючу тест-систему для визначення поліморфізму генів *FUT1* та *MUC4*. Визначено генетичну структуру популяції свиней селекції Дніпропетровського СП, та її генеалогічних елементів (ліній та родин) за генами α -фукозилтрансферази-1 і муцину 4. Встановлено, що поросята, отримані від батьків із варіантами генотипів AA та AG за геном *FUT1*, а геном *MUC4* – GG та GC, мали кращі показники життєздатності в підсисний та післявідлучний періоди, а в період дорощування та відгодівлі більші прирости маси тіла.

Практичне значення роботи. Вивчення генофонду закритої популяції свиней внутрішньопородного типу української м'ясної породи за генами *FUT1* і *MUC4* дозволило оцінити генетичний поліморфізм даних генів, концентрацію бажаних алелів у різних структурних елементах популяції. Встановлено продуктивність та стійкість до колібактеріозу тварин-носіїв відповідних алельних варіантів досліджуваних генів, що дозволило розробити селекційну програму, спрямовану на насичення генофонду бажаними алелями.

Особистий внесок здобувача. Дисертантом разом з науковим керівником визначено напрям, мету й завдання дисертаційних досліджень, розроблено схему та експериментальну програму запланованих робіт. Проведено пошук та опрацювання наукової літератури за темою роботи, виконано експериментальні дослідження, статистичний аналіз, інтерпретацію та узагальнення отриманих результатів.

Автор висловлює щирю подяку співробітникам СТОВ «Луговське» фірми «Авіас2000» Солонянського району Дніпропетровської області, науковцям Інституту свинарства і агропромислового виробництва НААН, кафедри розведення та генетики сільськогосподарських тварин Дніпровського державного аграрно-економічного університету та кафедри біотехнології Українського державного хіміко-технологічного університету за методичну допомогу й надання матеріалів для проведення досліджень.

Апробація результатів дисертації. Результати дисертаційних досліджень доповідалися та отримали позитивну оцінку на міжнародних та всеукраїнських наукових конференціях: V та VI Міжнародних науково-технічних конференціях студентів, аспірантів та молодих вчених «Хімія та сучасні технології» (м. Дніпропетровськ, 2011 і 2013 р.р.); VII та VIII Міжнародних наукових конференціях «Фактори експериментальної еволюції організмів» (м. Алушта, 2011 і 2013 р.р.); IX та XI Наукових конференціях молодих учених та аспірантів Інституту розведення і генетики тварин НААН (с. Чубинське, 2011 і 2013 р.р.); Міжнародній науковій конференції «Генетика и биотехнология XXI века: проблемы, достижения, перспективы» (м. Мінськ, 2012 р.); IX з'їзді Українського товариства генетиків і селекціонерів ім. М.І. Вавилова (м. Алушта, 2012 р.); Міжнародній конференції «Роль фізіології тварин у вирішенні сучасних проблем аграрної освіти, науки та виробництва» (Полтава, 2013 р.); Міжнародній молодіжній науковій конференції «Нові часи: нові Вавилови, нові Квасницькі» (Полтава, 2013 р.); IV Міжнародній науково-практичній конференції, присвяченій 10-річчю кафедри екотрофології БНАУ (м. Біла Церква, 2013 р.); Всеукраїнській науково-практичній інтернет-конференції, присвяченій 100-річчю факультету технологій продукції тваринництва та менеджменту «Актуальні питання технологій тваринництва та ветеринарної медицини» (м. Харків, 2020 р.)

Публікації. За матеріалами дисертації опубліковано 13 наукових праць, з них 6 у фахових виданнях і 7 тез доповідей конференцій.

Структура та обсяг дисертації. Дисертаційна робота викладена на 144 сторінках. Складається з таких розділів: вступ, огляд літератури, матеріали та методи досліджень, результати досліджень, обговорення результатів досліджень, узагальнення результатів досліджень, висновки, пропозиції виробництву, список використаних джерел та додатків. Робота включає 28 таблиць та 19 рисунків. Список літератури включає 246 джерел, у тому числі 152 латиницею.

МАТЕРІАЛИ ТА МЕТОДИ ДОСЛІДЖЕНЬ

Дослідження за темою дисертаційної роботи проводили впродовж 2010–2012 років на базі племінного репродуктору української м'ясної та великої білої порід свиней СТОВ «Луговське» фірми «Авіас2000» Солонянського району Дніпропетровської області.

Матеріалом для досліджень слугувала популяція свиней селекції ДСПІ, що являє собою внутрішньопородний тип української м'ясної породи та розводиться впродовж декількох десятиліть «в собі».

Загальну схему досліджень представлено на рисунку 1.

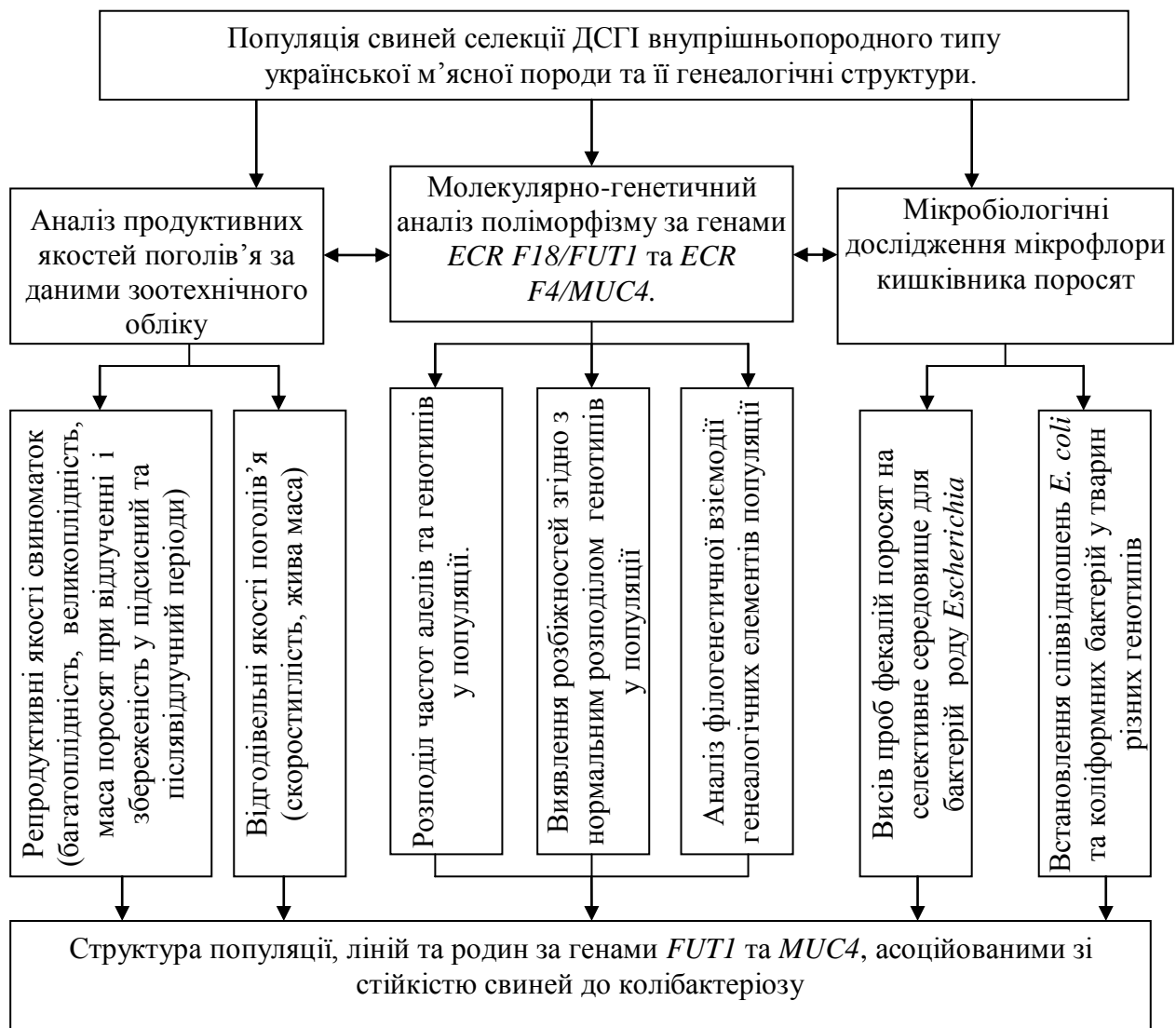


Рис.1. Схема досліджень

Для оцінки генетичних особливостей свиней селекції ДСПІ за молекулярно-генетичними маркерами за допомогою полімеразної ланцюгової реакції з наступним аналізом поліморфізму довжин рестрикційних фрагментів (ПЛР-ПДРФ).

Матеріалом для визначення генотипів тварин слугували кров та волосні фолікули. Усього в дослідженнях з визначення генотипів було відібрано біоматеріал від 93 тварин.

Тестування ДНК тварин проводили в лабораторії генетики Інституту свинарства і АПВ НААН (Статус лабораторії генетичного контролю № 2163 МінАПК України)

Для виділення ДНК із біопроб за допомогою іонообмінної смоли Chelex-100 (CAS: 68954-42-7 Chelex-100), готували 5% робочий розчин цього реагенту. До мірної колби об'ємом 100 мл вносили 5 г Chelex-100 і додавали дистильованої води до об'єму 100 мл.

Ген-специфічну ампліфікацію проводили за наступною загальною схемою. У пробірках Eppendorf об'ємом 0,5 мл готували реакційну суміш (25 мкл) наступного складу: 2,5 мкл універсального 10x ПЛР буферу; 1 мкл прямого F-праймеру (5 мкМ); 1 мкл зворотного R-праймеру (5 мкМ); 0,1 мкл (5 од. акт.) Taq-полімерази; 19,4 деіонізованої води; 1 мкл ДНК-матриці.

ПЛР проводили в стандартній реакційній суміші (Tapotili, Росія) в ампліфікаторі «Терцик» («ДНК-Технологія», Росія) за програмою для генів *MUC4* та *FUT1*: початкова денатурація – 94°C – 5 хв.; 35 циклів: денатурація – 94°C – 40 с; випал праймерів – 60°C – 40 с; синтез ділянки – 72°C – 60 с; термінальна елонгація – 72°C – 5 хв.

Структура праймерів: *FUT1* – F: 5'-CCAACGCCTCCGATTCCTGT-3', *FUT1* – R: 5'-GTGCATGGCAGGCTGGATGA-3'. *MUC4* – F: 5'-GTGCCTTGGGTGAGAGGTTA-3', *MUC4* – R: 5'-CACTCTGCCGTTCTCTTTCC-3'.

У результаті ПЛР синтезується фрагмент гену *FUT1* розміром 161 п.н., який гідролізували ендонуклеазою *HinPI* і *HgaI*, та фрагмент гену *MUC4* розміром 367 п.н., який гідролізували ендонуклеазою *XbaI* в умовах рекомендованих фірмою «Fermentas», Литва. (див. табл. 1) Реакцію проводили в термоциклері «Терцик-2» (ДНК-технологія, Росія).

Таблиця 1

Фрагменти рестрикції та відповідні їм генотипи за досліджуваними генами

Ген/ендонуклеаза рестрикції	Генотипи та відповідні фрагменти рестрикції у п.н.		
<i>FUT1/ HinPI(HspAI)</i>	A/A: 161	G/A: 161, 117, 44	G/G: 117, 44
<i>FUT1/ HgaI</i>	A/A: 125, 36	G/A: 161, 125, 36	G/G: 161
<i>MUC4/ XbaI</i>	G/G: 367	G/C: 367, 216, 151	C/C: 216, 151

Рестрикційний гідроліз ампліфікованих фрагментів здійснювали за наступною схемою. Реакційна суміш (25 мкл) вміщує: 10x рестрикційний буфер (оптимізований для певного ферменту) – 2,5 мкл, ендонуклеази рестрикції – 0,2 мкл (4–5 од. акт.), 15 мкл ПЛР-продукту та деіонізованої води – 7,3 мкл.

Електрофорез продуктів рестрикції здійснювали у 8% поліакриламідному гелі на тріс-боратному електрофорезному буфері (ТВЕ: 0,0879 М тріс, 0,089 М борна кислота, 0,002 М ЕДТА, рН 8,0. Для нанесення зразків на гель використовували буфер наступного складу: 0,25 % бромфеноловий синій, 0,25 % ксиленціанол, 30 % гліцерин. Електрофорез проводили впродовж 1,5–2 годин за різниці потенціалів у гелі 2 В/см. Фарбування гелю здійснювали розчином етидію броміду (0,5 мкг/мл) впродовж 10 хв. із наступною їх багаторазовою промивкою в дистильованій воді. Візуалізацію фрагментів ДНК проводили за допомогою транслюмінатора на УФ світлі за довжини хвиль 450 нм.

Статистичну обробку результатів здійснювали шляхом аналізу алельних та генетичних частот, рівня гетерозиготності, відхилення від стану рівноваги згідно із законом Харді-Вайнберга (Алтухов Ю.П., 2003). Розрахунок генетичних дистанцій та побудову дендрограм проводили за допомогою програми «MEGA 5.0» (Tamura K., 2011). Статистичну вірогідність отриманих результатів обчислювали методами математичної статистики та біометрії (Лебедько Е.Я., 2018) з використанням стандартних комп'ютерних програм «Statistica 10.0».

РЕЗУЛЬТАТИ ДОСЛІДЖЕНЬ

Оптимізація методу ПЛР-ПДФ для визначення поліморфізму генів *FUT1* та *MUC4*. Шляхом підбору умов ампліфікації відповідних фрагментів генів, що вивчалися, та визначення особливостей електрофоретичного розділення продуктів ампліфікації і рестрикції оптимізовано методику визначення генотипів свиней за генами *FUT1* та *MUC4*.

На рисунку 2 представлено електрофореграми фрагментів ампліфікації генів та отриманих продуктів рестрикції, які відповідають різним генотипам за генами *FUT1* та *MUC4*.

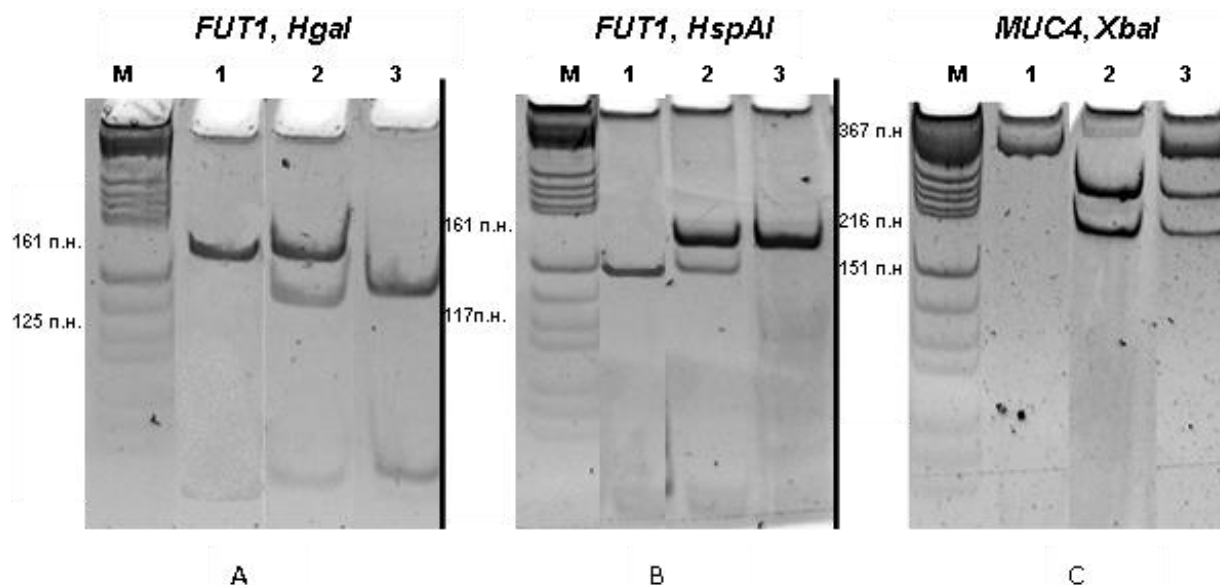


Рис.2. Електрофорез у 8 % поліакриламідному гелі продуктів *HspAI*, *HgaI*, *XbaI* рестрикції фрагментів генів *FUT1* та *MUC4*, ампліфікованих у ПЛР.

М – маркер молекулярної маси (pBR322/BsuRI), 1–3 – ДНК свиней.

Згідно з результатами ПЛР-ПДФ аналізу поліморфних ділянок досліджуваних генів при розділенні після ПЛР ампліконів гену *FUT1* за допомогою рестриктази *HgaI* і *HspAI* та гену *MUC4* рестриктазою *XbaI* отримано всі можливі варіанти фрагментів рестрикції. На доріжці 1 при розщепленні фрагменту гену *FUT1* ферментом *HgaI* (фореграма А) присутня одна смуга, що відповідає генотипу GG чутливих до колібактеріозу свиней, який відповідає стійкій до колібактеріозу тварині. Три смуги доріжки 2 фореграми А відповідають генотипу AG. На доріжці 3 дві смуги відповідають стійким до захворювання свиням із генотипом AA. На доріжках 1,2 при розщепленні послідовності *FUT1* рестриктазою *HspAI* (фореграма В) виявлені варіанти генотипів (GG та GA) чутливих та схильних до колібактеріозу свиней. Фермент *HspAI* не гідролізує ДНК свиней із генотипом AA, що представлено на доріжці 3.

На фореграмі С, що відповідає *Xba*I-розщепленню послідовності гену *MUC4*, на доріжці 1 виявлено генотип GG, який відповідає стійкій до колібактеріозу тварині. Інші варіанти генотипів (CC та GC) гену *MUC4* на доріжках 2 і 3 відповідають чутливими та схильним до колібактеріозу тваринам.

Генетична мінливість популяції свиней селекції ДСПІ за генами *FUT1* та *MUC4*.

За допомогою ДНК–маркування виявлено генетичний поліморфізм за геном *FUT1* серед усіх досліджуваних груп тварин популяції (табл. 2).

Таблиця 2

Частоти генотипів та алелів за геном *FUT1* у популяції

Група тварин	n	Генотип			Алель		$S_{p,q}$	χ^2
		AA	AG	GG	A	G		
Плідники	36	0,06	0,44	0,50	0,28	0,72	0,050	0,42
Матки	55	0,06	0,47	0,47	0,29	0,71	0,040	1,17
Інбредні	35	0,12	0,17	0,71	0,20	0,80	0,058	7,54**
Аутбредні	56	0,03	0,63	0,34	0,34	0,66	0,034	10,54*
Усе стадо	91	0,06	0,46	0,48	0,29	0,71	0,031	1,55

** $P \geq 0,95$, * $P \geq 0,99$ (ймовірності розбіжності між розподілом генотипів досліджуваної популяції та відповідно до закону Харді-Вайнберга)

Показники розподілу алелів та генотипів за геном *MUC4* у досліджуваній популяції та окремих її групах наведено у таблиці 3.

Таблиця 3

Частоти генотипів та алелів за геном *MUC4* у популяції

Група тварин	n	Генотип			Алель		$S_{p,q}$	χ^2
		GG	GC	CC	G	C		
Плідники	23	0,39	0,48	0,13	0,63	0,37	0,070	0,02
Матки	44	0,25	0,61	0,14	0,56	0,44	0,046	2,64
Інбредні	18	0,44	0,56	–	0,72	0,28	0,059	2,66
Аутбредні	49	0,25	0,57	0,18	0,53	0,47	0,047	1,06
Усе стадо	67	0,30	0,57	0,13	0,58	0,42	0,039	1,84

Вкрай низька концентрації генотипів AA за геном *FUT1* в популяції зумовлює відсутність варіантів генотипів AAGG і AACC, а генотип AAGC зустрічається з частотою 0,06 (4 особини). Проте близько 1/3 усіх тварин є гетерозиготними за обома генами, що дає можливість проводити їх подальше схрещування для отримання гомозиготних нащадків за алелями А та G, відповідно до генів *FUT1* і *MUC4*. А поєднання батьківських форм із генотипами AAGC та AAGG дасть можливість уже в першому поколінні отримати 1/2 нащадків із найбажанішим поєднанням алелів (AAGG). Тому надалі необхідно проводити селекційні заходи,

спрямовані на підвищення частки генотипів, що забезпечують стійкість тварин до колібактеріозу.

Розподіл тварин у популяції свиней селекції ДСГІ за частотою сукупних генотипів генів *FUT1* і *MUC4* наведено у таблиці 4.

Таблиця 4

Генетичний поліморфізм сукупних генотипів генів *FUT1* і *MUC4* у популяції свиней селекції Дніпропетровського СГІ

Генотип тварини	Усе стадо		Плідники		Матки		Кількість бажаних алелів	Частка бажаних алелів, %	Різниця бажані/небажані алелі	Рівень гетерозиготності, %
	n	%	n	%	n	%				
AAGG	–	–	–	–	–	–	4	100	+4	0
AAGC	4	6,35	2	10,00	2	4,65	3	75	+2	50
AGGG	7	11,11	2	10,00	5	11,63	3	75	+2	50
AACC	–	–	–	–	–	–	2	50	0	0
AGGC	19	30,15	5	25,00	14	32,56	2	50	0	100
GGGG	11	17,47	5	25,00	6	13,95	2	50	0	0
AGCC	6	9,52	4	20,00	9	20,93	1	25	–2	50
GGGC	13	20,64	1	5,00	5	11,63	1	25	–2	50
GGCC	3	4,76	1	5,00	2	4,65	0	0	–4	0

Особливості розподілу генотипів тварин залежно від кількості бажаних алелів у генотипах, а також порівняно з нормальним розподілом в ідеальній популяції зображено на рисунку 3.

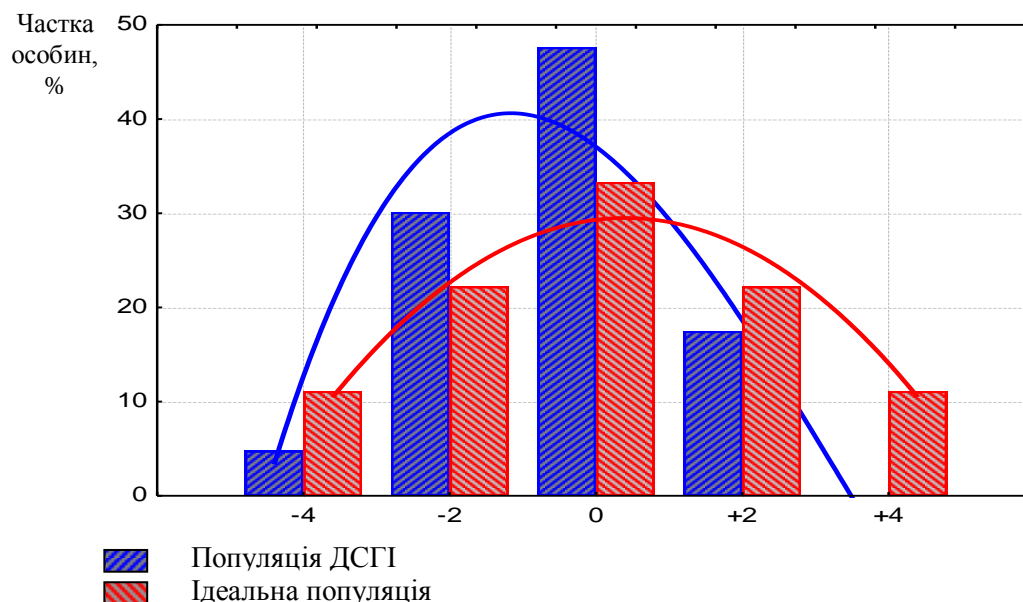


Рис. 3. Діаграма розподілу частки тварин у генотипі популяції залежно від бажаності їх сукупного генотипу за генами *FUT1* і *MUC4*.

Як бачимо на діаграмі, у популяції свиней селекції Дніпропетровського СГІ генетична рівновага зміщена в бік небажаних генотипів генів *FUT1* і *MUC4* порівняно із моделлю розподілу Харді-Вайнберга.

Серед дослідженої популяції свиней, а також в усіх її внутрішньопопуляційних структурах підраховано спостережену (H_O) й очікувану (H_E) гетерозиготність, а також індекс фіксації Райта (F_{IS}), що вказує на надлишок гетерозигот та наявність інбридингу в популяції (таблиця 5).

Таблиця 5

Гетерозиготність та індекси фіксації за генами *FUT1* та *MUC4*

Ген	Група тварин	Очікувана гетерозиготність, H_E	Спостережена гетерозиготність, H_O	Індекс фіксації Райта, F_{IS}
<i>FUT1</i>	Усе стадо	0,408	0,462	-0,131
	Плідники	0,401	0,444	-0,107
	Матки	0,413	0,473	-0,146
	Інбредні	0,320	0,171	0,464
	Аутбредні	0,448	0,6428	-0,434
<i>MUC4</i>	Усе стадо	0,487	0,567	-0,166
	Плідники	0,466	0,478	-0,026
	Матки	0,494	0,614	-0,243
	Інбредні	0,401	0,556	-0,385
	Аутбредні	0,498	0,571	-0,147

Виявлення певного дисонансу в розподілі генотипів у популяції за досліджуваними генами можна виявити графічним методом. Нами побудовано діаграму розподілу алелів та генотипів Б. де Фінетті для популяції свиней типу селекції ДСГІ української м'ясної породи в поєднанні із параболою нормального розподілу Харді-Вайнберга для ідеальної популяції.

Взаєморозташування точок рівноваги для всієї популяції та інбредної лінії свиней селекції ДСГІ за генотипами генів *FUT1* та *MUC4* відносно ідеальної популяції зображено на рисунках 4 і 5.

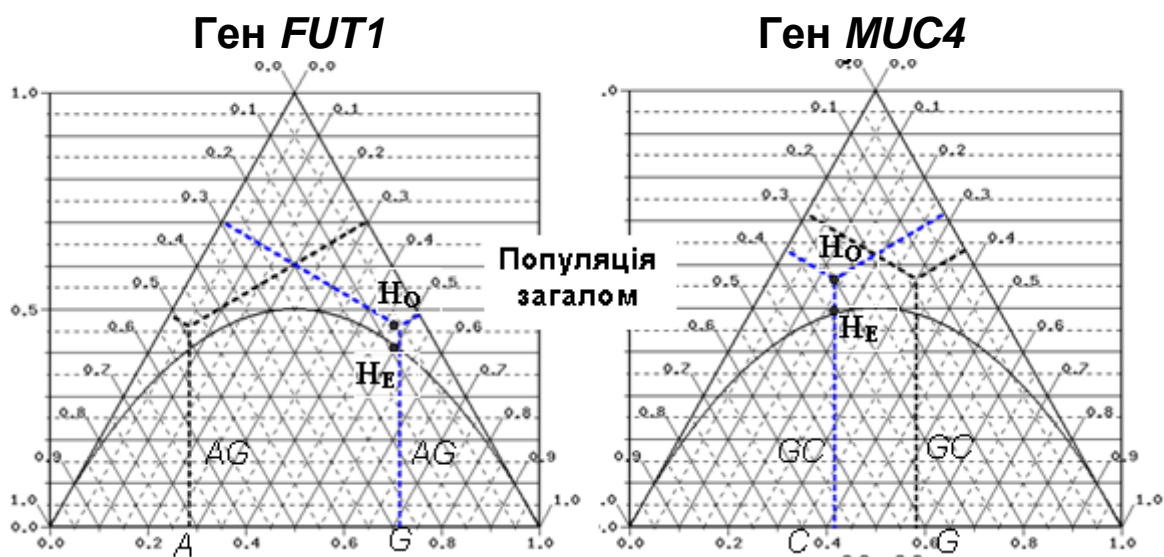


Рис.4. Діаграми де Фінетті в поєднанні із нормальним розподілом Харді-Вайнберга за генами *FUT1* та *MUC4* для всієї популяції

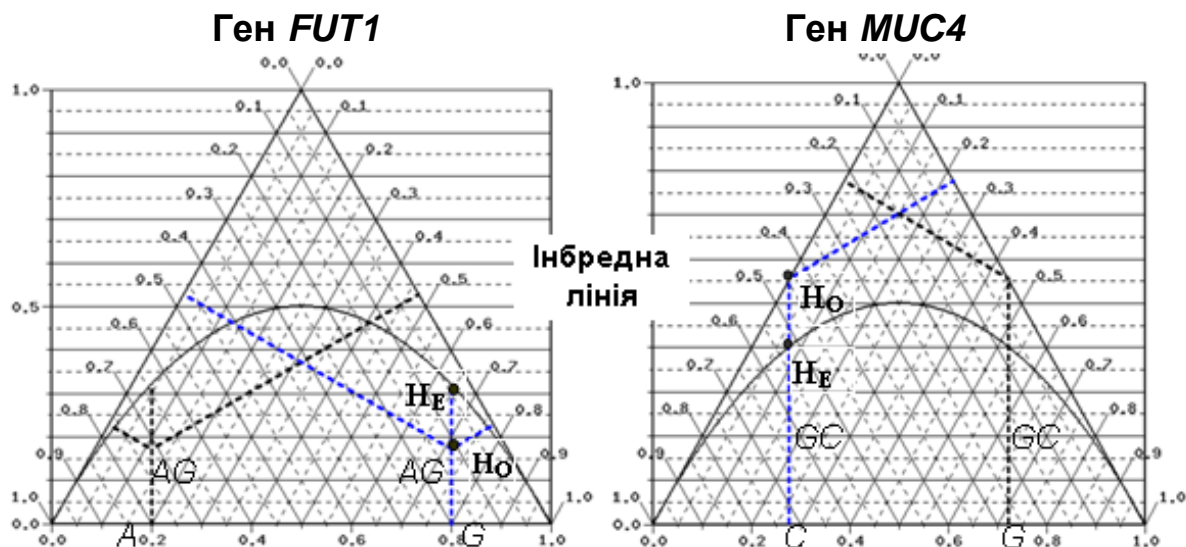


Рис.5. Діаграми де Фінетті в поєднанні із нормальним розподілом Харді-Вайнберга за генами *FUT1* та *MUC4* для інbredної лінії

Розташування точок H_E та H_O вказує не тільки на відповідний рівень гетерозиготності, а водночас і на генетичну рівновагу в популяції. Як бачимо, найменше відхилення від нормального розподілу спостерігається в популяції в цілому за геном *FUT1*. У цьому випадку рівень інбридингу дуже низький, на що також вказує розрахунковий індекс фіксації Райта, що підтверджує відсутність спрямованої селекції. Для інbredних тварин характерні досить значні відхилення від стану рівноваги ідеальної популяції за обома досліджуваними генами. Зазначений факт пояснюється відносно коротким періодом формування цієї лінії, так як визначення генотипів проводили у тварин п'ятого покоління.

Генеалогічна структура популяцій свиней за поліморфними генами *FUT1* та *MUC4*. На підставі даних ДНК-типуювання 93 тварин досліджуваної популяції серед усіх досліджуваних генеалогічних груп є поліморфізм за генами *FUT1* і *MUC4* (рис. 6).

У родинях Вольниці за обома генами, а Степової – за геном *MUC4* виявлений лише чутливий до колібактеріозу гетерозиготний. Родина Гордої за досліджуваними генами представлена трьома можливими генотипами. За геном *FUT1* у родинях Степової і Победи присутні чутливі гетерозиготний (генотип AG) і гомозиготи (генотип GG).

Генотип AA, який зумовлює стійкість до патогенних *E. coli*, виявлений лише у тварин родини Гордої із частотою 0,07. У родинях Гордої і Победи виявлені всі три генотипи за геном *MUC4*. Частота генотипу GC за геном *MUC4* склала відповідно 0,56 і 0,46 у родинях Гордої і Победи, а генотипу GG – 0,31 в обох зазначених родинях.

У плідників селекції ДСПІ за геном *FUT1* тільки в лінії Бистрого зустрічаються тварини з генотипом AA з частотою 0,10. Концентрація генотипу AG (чутливі гетерозиготний) серед ліній популяції: Борець – 0,53, Бистрий – 0,38, Оріх – 0,75. Небажані генотипи GG чутливих гомозигот присутні з частотою 0,47, 0,52 і 0,25 серед ліній Борця, Бистрого і Оріха відповідно. За геном *MUC4* кнури з небажаним генотипом CC серед ліній Бистрого, Борця і Оріха спостерігаються з частотою 0,10, 0,15 і 0,25, а кількість гетерозигот GC відповідно становить 0,60, 0,53 і 0,75. Частота бажаного генотипу GG за геном *MUC4* в лініях Борця і Бистрого – 0,32 і 0,30.

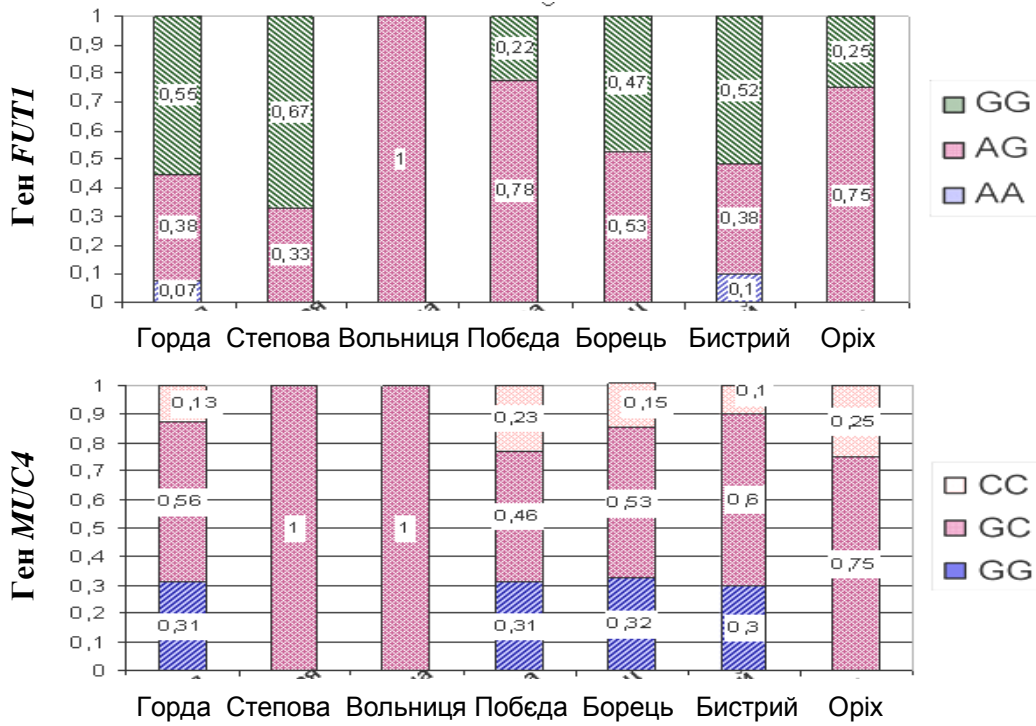


Рис. 6. Діаграма розподілу генотипів за генами *FUT1* і *MUC4* серед ліній та родин популяції свиней селекції ДСП.

На рисунку 7 представлена дендрограма генетичних взаємозв'язків між генеалогічними структурами популяції, розрахованими згідно з поліморфізмом генів *FUT1* і *MUC4* за допомогою методу незваженого попарногрупового арифметичного середнього (UPGMA).

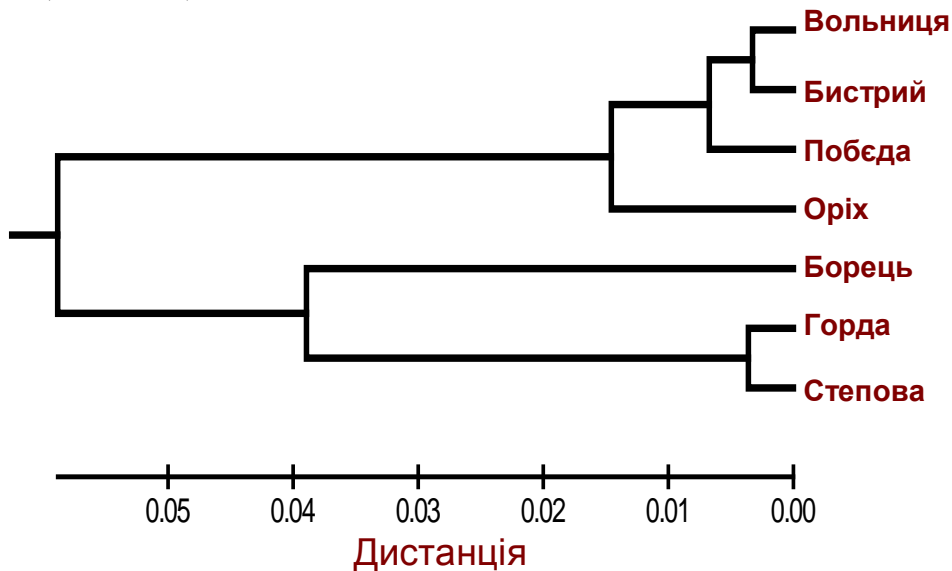


Рис. 7. Дендрограма генетичних зв'язків між лініями та родинами популяції свиней селекції Дніпропетровського СПІ з урахуванням поліморфізму за генами *FUT1* і *MUC4*.

Дані кластеризації вказують на рівень філогенетичних зв'язків між лініями та родинами і можуть безпосередньо використовуватися в програмі селекційних заходів з урахуванням генетичної різноманітності за іншими поліморфними генами господарськи корисних ознак.

Репродуктивні якості піддослідних свиней за поліморфними генами *FUT1* і *MUC4*. При дослідженні репродуктивних якостей було відібрано по три повновікові свиноматки генотипів AGGC, GGGG та GGGC за генами *FUT1* і *MUC4*. Для запліднення піддослідних маток використовували гетерозиготного за обома досліджуваними генами плідника (генотип AGGC). Аналіз отриманих даних показав, що багатоплідність у кожній досліджуваній групі тварин була близько 11 голів на опорос, тим самим встановлено, що поліморфізм за генами *FUT1* і *MUC4* не впливає на відтворну здатність маток (табл. 6).

Таблиця 6

Репродуктивні якості свиноматок залежно від поліморфізму генів *FUT1* і *MUC4*

Група	Генотип матки	Багатоплідність, голів	Великоплідність, кг	У 30 днів			Збереженість поросят, %
				Кількість поросят, гол	Маса гнізда, кг	Маса 1 голови, кг	
I	AGCG	11,0 ± 0,56	1,12 ± 0,02	10,7 ± 0,30	62,1,0 ± 0,97	5,81 ± 0,12	97,27 ± 3,20
II	GGGG	10,6 ± 0,46	1,1 ± 0,01	8,7 ± 0,39	49,4 ± 1,55	5,68 ± 0,13	81,30 ± 4,52
III	GGGC	11,3 ± 0,63	1,1 ± 0,02	8,9 ± 0,46	50,9 ± 1,45	5,72 ± 0,18	78,76 ± 4,48

При стандартних умовах молодняк різних генотипів ріс та розвивався не однаково. Аналіз даних (табл. 7) свідчить, що поросята, отримані при поєднанні маток із групи I із гетерозиготним кнуром селекції ДСГІ, мали кращі показники росту та розвитку, ніж аналоги із груп II і III в усі вікові періоди.

Таблиця 7

Жива маса поросят залежно від віку, отриманих від свиноматок із різними генотипами за генами *FUT1* і *MUC4*

Група тварин	Генотип матки	Кількість голів, n	Вік, днів				
			при народженні	у 5-денному віці	у 10-денному віці	у 21-денному віці	у 30-денному віці
I	AGCG	33	1,12 ± 0,02	2,37 ± 0,24	3,62 ± 0,30	4,5 ± 0,78	5,81 ± 1,12
II	GGGG	32	1,1 ± 0,01	2,28 ± 0,29	3,59 ± 0,47	4,42,5 ± 0,68	5,68 ± 1,13
III	GGGC	34	1,1 ± 0,02	2,15 ± 0,26	3,56 ± 0,32	4,46 ± 0,78	5,72 ± 0,18

Експериментальні дані свідчать, що потомство, одержане при схрещуванні повністю гетерозиготних батьків за генами *FUT1* і *MUC4*, мало перевагу над генотипами, що є гомозиготними хоча б по одному з генів, алельні варіанти яких формують чутливість до колібактеріозу.

Вплив поліморфізму генів *FUT1* та *MUC4* на збереженість підсисних поросят. Оскільки наявність у генотипі свиней мутантного алеля G і C генів-рецепторів *E. coli FUT1* і *MUC4* пов'язано з можливою втратою поросят, в аналізі дії генів важливу роль відіграє збереження молодняка до відлучення (таблиця 8).

Таблиця 8

Вплив поліморфізму генів *FUT1* і *MUC4* на продуктивність свиноматок селекції ДСПІ

Показники продуктивності	Генотипи свиноматок					
	за геном <i>FUT1</i>			за геном <i>MUC4</i>		
	AA	AG	GG	GG	GC	CC
Вивчено опоросів	3	36	54	25	60	12
Багатоплідність, гол.	10,3±0,67	9,9±0,34	10,2±0,46	10,3±0,26	10,4±0,18	10,4±0,56
Відлучених поросят, гол	9,6±0,54	8,7±0,42	7,8±0,46	9,5±0,26*	9,0±0,12	7,2±0,31
Збереженість на 21 день, %	93,4±4,1*	87,9±2,7*	76,5±3,4	92,3±1,35**	86,6±1,28	69,3±4,2

Примітка: * P<0,05, ** P<0,01

Так як від свиноматок поросята успадковують тільки половину генетичного матеріалу, безсумнівний інтерес представляє вивчення генотипів кнурів, оскільки це дає можливість визначити генотипи потомства при підборі батьківських пар. Результати варіантів такого підбору представлені в таблиці 9.

Таблиця 9

Збереженість підсисних поросят залежно від підбору пар з урахуванням поліморфізму генів *FUT1* і *MUC4*

Генотип (мати х батько)	N, опоросів	Багатоплідність, гол.	Кількість поросят при відлученні, гол	Збереженість на 21 день, %
Ген <i>FUT1</i>				
AA x AG	3	10,3±0,67	9,6±0,66	93,4±4,1
AG x AG	24	9,8±0,25	8,8±0,29	90,1±3,2
AG x GG	12	10,2±0,54	8,6±0,33	84,8±3,6
GG x AG	34	10,1±0,42	8,2±0,34	81,3±2,4
GG x GG	20	10,4±0,45	7,3±0,61	70,2±4,5
Ген <i>MUC4</i>				
GG x GG	19	10,1±0,35	9,4±0,20	93,1±3,0
GG x GC	6	10,6±0,49	9,6±0,55	90,7±2,6
GC x GG	45	10,3±0,26	9,1±0,17	88,4±2,3
GC x CG	15	10,3±0,53	8,6±0,25	83,6±3,6
CC x CC	12	10,4±0,54	7,2±0,31	69,3±4,2

Дослідження впливу традиційних зоотехнічних прийомів на продуктивність та збереженість поросят. Проведені дослідження показали, що багатоплідність чистопородних маток великої білої як при чистопородному розведенні, так і при схрещуванні їх з інбредними кнурами української м'ясної породи знаходиться на досить високому і однаковому рівні. Свиноматки української м'ясної породи не поступалися великим білим за цією ознакою. Слід зазначити більш високу мінливість багатоплідності у великих білих свиней при осіменінні їх інбредними кнурами, що викликано підвищенням рівня ознаки й стовідсотковою кількістю живих поросят при народженні при такій схемі розведення (табл. 10).

Таблиця 10

Багатоплідність маток і збереженість поросят.

Група тварин*		Багатоплідність		Збереженість, %		
		усього, голів	живих, %	5 день	10 день	21 день
I	ВБхВБ	11,6±0,32	97,9±1,36	94,39±1,65	85,73±2,34	79,08±1,57
II	УМхУМ	11,3±0,18	96,1±2,71	88,64±2,5	85,73±1,52	81,81±2,52
III	ВБхУМІ	11,4±0,82	100	97,23±1,36	94,45±1,72	90,64±2,22

* Породи: ВБ – велика біла; УМ – українська м'ясна (тип ДСГІ); УМІ – українська м'ясна (тип ДСГІ) інбредної лінії;

У дослідній групі зафіксована більш висока збереженість поросят впродовж всього облікового періоду до 21 дня, коли найбільш активно йде засвоєння молока свиноматки. До цього віку збереженість поросят у III групі (ВБхУМІ) була на 9,2–11,5% вищою порівняно з групами II (УМхУМ) та I (ВБхВБ). За час проведеного дослідження також щодобово підраховувався падіж поросят і його причини. Так, з усіх померлих тварин 26 % мали клінічні ознаки респіраторних захворювань, а 44 % – ознаки кишкової інфекції.

Незважаючи на наявність більш багатоплідних гнізд, отриманих за схемою схрещування ВБхУМІ, великоплідність народжених поросят у дослідній групі не поступалася отриманій при чистопородному розведенні свиней української м'ясної і великої білої порід (табл. 11).

У групі III поросята при народженні мали масу на 3,7% більшу, ніж у групі II, і на 5,6 %, ніж чистопородні тварини групи I. У віці 5 днів помісні поросята на 0,61–0,63 кг перевищували масу чистопородних обох порівнюваних груп за достовірності $P > 0,95$. На 10 день розходження між поросятами, отриманими за схемою ВБ х УМІ, і великими білими збільшилися до 1,41 кг, а українськими м'ясними – на 1,48 кг ($P > 0,99$). До віку в 21 день різниця в живій масі тваринами групи III в порівнянні з групами II та I склала 66,1 % і 68,8 % відповідно, за високого ступеня достовірності ($P > 0,999$).

Таблиця 11

Маса поросят у постнатальний період

Група тварин		N, голів	Великоплідність		5 день		10 день		21 день	
			кг	C_V^0 , %	кг	C_V^5 , %	кг	C_V^{10} , %	кг	C_V^{21} , %
I	ВБхВБ	91	1,06±0,02	19,67	1,98±0,05	22,87	2,79±0,09	28,05	4,39±0,1	18,59
II	УМхУМ	79	1,08±0,02	19,98	2,00±0,05	22,95	2,86±0,09	27,60	4,46±0,1	18,18
III	ВБхУМІ	93	1,12±0,02	17,40	2,61±0,05***	24,92	4,27±0,09**	19,34	7,41±0,23*	28,78

Примітка: *** $P > 0,95$; ** $P > 0,99$; * $P > 0,999$.

У результаті проведених досліджень встановлено, що багатоплідність чистопородних свиноматок української м'ясної та великої білої порід знаходиться на високому рівні та не відрізняється від отриманого при осіменінні останніх інбредними кнурами української м'ясної породи.

Використання інбредних кнурів, отриманих на основі української м'ясної породи внутрішньопородного типу селекції ДСПІ, для схрещування з матками великої білої породи вірогідно збільшило збереженість і масу помісних підсисних поросят. На 21 день вони на 66,1–68,8% перевищували масу чистопородних тварин.

Згідно з експериментальними даними тварини, відібрані для досліду, мали досить високі показники зростання та продуктивності при відгодівлі (табл. 12).

Таблиця 12

Маса поросят у період дорощування та відгодівлі

Група тварин		N, голів	Великоплідність, кг	C_V^0 , %	На 21 день		На 60 день		На 180 день	
					кг	C_V^{21} , %	кг	C_V^{60} , %	кг	C_V^{180} , %
I	ВБхВБ	91	1,06±0,02	19,67	4,39±0,96	18,59	12,59±0,26	11,61	87,27±1,01	11,75
II	УМхУМ	79	1,08±0,02	19,98	4,46±0,1	18,18	12,67±0,24	10,81	89,34±0,93	11,04
III	ВБхУМІ	93	1,12±0,02	17,40	7,14±0,27	34,67	14,30±0,21	11,47	91,06±1,42	17,63

Враховуючи вищевикладене, відлучення поросят III групи провели на 21 день, тоді як в I та II групах – на 35 день. У післявідлучний період гібридні тварини достовірно ($P > 0,95$) перевищували у вазі поросят, отриманих при чистопородному розведенні. На 60 день середня маса 1 голови в III групі була на 13,6 і 12,9% більшою, ніж у I та II групах відповідно. Маса підсвинків у всіх досліджуваних групах у кінці відгодівельного періоду (180 днів) достовірно не відрізнялася. При цьому слід зазначити деяку перевагу тварин III та II груп за зазначеним показником в 4,3 і 2,4% над I групою. З отриманими даними скоростиглість тварин не перевищила 190 днів. Однак гібридні тварини за вказаним показником на 5 і 7 днів випереджали чистопородні аналоги.

Виявлення *E. coli* та ентеробактерій у кишківнику свиней. Для визначення мікробної заселеності кишківника поросят *E. coli* використовували готове селективне середовище Compact Dry EC у чашках площею 20 см² такого складу:

Пептон – 15, 0 мг, дріжджовий екстракт – 5,0 мг, натрію хлорид – 5, 0 мг, натрію фосфат – 2,0 мг, калію нітрат – 1,0 мг, натрію піруват – 1,0 мг, натрію дезоксихолат – 0,6 мг, натрію холат – 0,4 мг, L-триптофан – 1,0 мг, Magenta-GAL – 0,3 мг, X-Glu – 0,3 мг, ксантангам – 18,4 мг, гідроксипропіл целюлоза – 1,0 мг, натрію лаурил сульфат – 0,15 мг.

Перший день. Для засіву брали 1 г зразку посліду та розводили 1:10⁶ стерильним фізіологічним розчином хлориду натрію. Розведення кожного зразку в кількості 1 мл висівали на 3 чашки відповідно. Закриті чашки інкубували в термостаті впродовж 24 годин при температурі 37 °С.

Другий день. Вивчали ріст колоній на середовищі після інкубації. *E.coli* формує на цьому середовищі блакитні колонії. Червоні і блакитні разом складають при підрахунку загальну кількість колоній групи коліформ. (*E.coli* O157 формує рожеві або червоні колонії). Зростання Грам (+) бактерій повністю пригнічується.

Для зручності при підрахунку колоній зворотна сторона чашки має розмітку (розбита на клітини 1x1 см). У разі труднощів під час підрахунку за великого числа колоній рахували кількість колоній в одній клітинці та множили на 20 (загальне число клітин), таким чином отримували кількість на чашці. Із проб фекалій від дванадцяти клінічно здорових свиноматок виділили від 45 до 72 колоній *E. coli* на чашку; від десяти клінічно здорових поросят віком 5–12 днів виявлено від 21 до 43 колоній ешерихій, а з проб фекалій від вісімнадцяти поросят віком 5–12 днів з ознаками діареї виявлена кількість колоній ешерихій коливалась у діапазоні 36–67 одиниць.

Частота виділення ешерихій з посліду свиней наведена в таблиці 13.

Таблиця 13

Наявність ентеробактерій у досліджуваних зразках посліду свиней

Група тварин	Кількість проб	Колоній на чашку	Кількість проб з яких виділено <i>E. coli</i> O157
Клінічно здорові свиноматки	12	45–72	100,0 %
Поросята 5–12 днів із проявами діареї	18	36–67	55,6 %
Клінічно здорові поросята 5–12 днів	10	21–43	20,0 %

Виявлено певні закономірності в розподілі генотипів за генами *FUT1* та *MUC4* серед хворих та клінічно здорових тварин наведені в таблиці 14.

Таблиця 14

Розподіл генотипів сукупних генотипів за генами *FUT1* та *MUC4* у клінічно здорових поросят та із проявами діареї

Група тварин	Кількість поросят, гол.	Генотип								
		AAGG	AAGC	AACC	AGGG	AGGC	AGCC	GGGG	GGGC	GGCC
Клінічно здорові поросята	10	–	–	–	2	4	1	3	–	–
Поросята із проявами діареї	18	–	–	–	–	–	3	2	5	8

Сукупні генотипи поросят із ознаками колібактеріозу представлені на 44,4% чутливими гомозиготами (GGCC), на 44,4% – генотипами, що містять лише один бажаний алель (AGCC та GGGC) за обома досліджуваними генами.

ВИСНОВКИ

1. Встановлено особливості генетичної структури за маркерними генами стійкості до колібактеріозу *FUT1* та *MUC4* у закритій популяції свиней внутрішньопородного типу української м'ясної породи. Та вивчено вплив різних генотипів за досліджуваними генами на господарські корисні ознаки тварин в умовах центральної степової зони України.

2. Підібрано оптимальні умови проведення полімеразної ланцюгової реакції і рестрикційного аналізу при дослідженні ДНК свиней на наявність поліморфізму за генами *FUT1* та *MUC4* методом ПЛР-ПДРФ. Встановлено відповідність фрагментів рестрикції при розщепленні продуктів ампліфікації гена *FUT1* за допомогою ферментів *HgaI* і *HspAI*, а гена *MUC4* – за допомогою фермента *XbaI*.

3. Розподіл частот алелів А та G серед у популяції за геном *FUT1* становить 0,29 та 0,71 відповідно, а за геном *MUC4* алелів G – 0,58 та С – 0,42. Досліджувана популяція свиней характеризується вищою фактичною гетерозиготністю за обома генами відносно теоретично розрахованої.

4. У всіх лініях і родинях популяції переважають чутливі гомо- і гетерозиготні генотипи GG і AG за геном *FUT1*. Генотип AA зустрічається тільки в лінії Бистрого (0,10) і родині Гордої (0,07). За геном *MUC4* в усіх генеалогічних елементах популяції переважають чутливі до колібактеріозу гетерозиготні (GC) тварини. У родинях Гордої і Победи та лініях Борця і Бистрого спостерігається перевага числа особин зі стійким генотипом GG над чутливими – CC. Найбільш генетично близькими є лінія Бистрого і родина Вольниці ($I=0,9935$, $D=0,0065$), а максимальна генетична розбіжність спостерігається між родинями Степової і Победи ($I=0,7646$, $D=0,2684$).

5. Свиноматки з генотипом CC гену *MUC4* вірогідно ($P < 0,05$) на 16,0 % і 8,8 % поступалися за збереженістю відлучених поросят у гнізді у порівнянні із генотипами GG та GC. Свиноматки з генотипом AA і AG (*FUT1*) вірогідно ($P < 0,05$) за збереженістю відлучених поросят переважали аналогів з генотипом GG на 10,6 і 8,8% відповідно.

За наявності алеля А (ген *FUT1*) в генотипах плідників та маток (AA x AG і AG x AG) збереженість поросят вірогідно ($P < 0,05$) підвищувалася на 14,5 і 14,0 %. Батьківські форм з генотипами GG гену *MUC4* мали вищу збереженість поросят до відлучення у порівнянні з генотипами GC на 7,0%, а з генотипами CC – на 23,1 %. При застосуванні традиційних селекційних заходів із відтворення поголів'я за допомогою отримання гібридів української м'ясної та великої білої породи свиней вдалося досягнути більшої збереженість у помісей при відлученні на 9,2-11,5% у порівнянні із чистопородними тваринами. Таким чином селекція на стійкість до колібактеріозу може дозволити знизити втрати поросят при промисловому відтворенні поголів'я лише за рахунок власних генетичних ресурсів закритої популяції.

6. Мікробіологічні дослідження посліду свиноматок і поросят на наявність *E. coli* виявили, що клінічно здорові свиноматки можуть бути носіями збудника діареї в поросят. Тварини із проявами колібактеріозу здебільшого представлені чутливим до колібактеріозу генотипом GGCC (*FUT1* – GG, *MUC4* – CC), серед клінічно здорових поросят найбільшу частку складають гетерозиготні особини з генотипом AGGC (*FUT1* – AG, *MUC4* – GC).

7. Запропоновано схему схрещування, що дає можливість наочно оцінити бажаність підбору батьківських форм для схрещування з урахуванням поліморфізму генів *FUT1* та *MUC4* для підвищення стійкості потомства до колібактеріозу, що є особливо актуальним для малих господарств з розведення місцевих та локальних порід свиней з високою селекційною цінністю кожної особини популяції.

ПРОПОЗИЦІЇ ВИРОБНИЦТВУ

1. Відповідно до міжнародної програми FAO «Глобального плану дій щодо збереження, підтримання та розвитку генетичних ресурсів тварин» у популяціях свиней доцільно проводити постійний молекулярно-генетичний моніторинг генів *FUT1* та *MUC4*.

2. На основі визначення генотипів батьківських форм за генами *FUT1* та *MUC4* необхідно вести роботу зі створення порід, ліній і родин свиней стійких до колібактеріозу за рахунок підбору батьківських форм-носіїв з генотипами AA та AG за геном *FUT1* і генотипами GG та GC за геном *MUC4*.

СПИСОК ПУБЛІКАКЦІЙ ЗА ТЕМОЮ ДИСЕРТАЦІЇ

Публікації в наукових фахових виданнях України

1. Саєнко А.М., Балацький В.М., Сировнєв Г.І., Сметанін В.Т. Поліморфізм локусів *FUT1* та *MUC4* у популяції свиней української м'ясної породи селекції Дніпропетровського СГІ. *Свинарство*. 2012. Вип. 60. С. 76–79. (Здобувачем проведено відбір зразків біоматеріалу, постановка методики експерименту, проведення лабораторних досліджень).

2. Сировнєв Г.І. Генетична мінливість популяції свиней селекції ДСГІ за локусами *FUT1* та *MUC4*. *Проблеми зооінженерії та ветеринарної медицини*. 2012. Вип. 24 (ч. 1). С. 55–59.

3. Сыровнев Г.И. Генеалогическая структура популяции свиней селекции Днепропетровского сельскохозяйственного института по полиморфным локусам *FUT1* и *MUC4*. *Науково-технічний бюлетень Інституту тваринництва НААН*. 2012. Вып. 108. С. 107–111.

4. Сировнєв Г.І. Вплив поліморфізму гену альфа-фукозилтрансферази-1 на господарські корисні ознаки свиней у закритій популяції. *Свинарство*. 2013. Вип. 62. С. 194–198.

5. Сировнєв Г.І., Сметанін В.Т. Поліморфізм гена муцин 4 (*MUC4*) у закритій популяції свиней та вплив його алельних форм на господарські корисні ознаки. *Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва*. 2013. Вип. 9. С. 42–45. (Здобувачем отримано експериментальні дані, виконано їх статистичну обробку та підготовлено матеріали до друку).

6. Сировнєв Г.І., Микитюк В.В., Хмельова О.В. Наявність потенційного збудника колібактеріозу у популяції свиней локальної селекції української м'ясної породи. *Розведення і генетика тварин*. 2020. Вип. 59. С. 115–123. (Здобувачем отримано експериментальні дані, виконано їх статистичну обробку та підготовлено матеріали до друку).

Наукові праці апробаційного характеру

1. Syrovnev G.I. Genetic Determination Of Piglets Postweaning Survival. Хімія та сучасні технології : тези доповідей V Міжнар. наук.-техн. конф. студентів, аспірантів та молодих учених 20–22 квітня 2011 р. Дніпропетровськ: УДХТУ, 2011. С. 457.

2. **Сыровнев Г.И.,** Кунева Л.В., Сметанин В.Т. Повышение продуктивности и сохранности поросят в постнатальный период при использовании инбредных хряков селекции Днепропетровского СХИ. Достижения і проблеми генетики, селекції та біотехнології : Збірник наукових праць ІХ з'їзду УТГіС. К.: Логос, 2012. Т. 3. С. 262–267. *(Здобувачем проведена статистична обробка даних експериментів та підготовка матеріалів до друку).*

3. Кунева Л.В., **Сыровнев Г.И.,** Сметанин В.Т., Степневская Я.В., Ковальчук Л.Н. Сохранение генетической изменчивости в локальных популяциях домашних животных. Генетика и биотехнология XXI века: проблемы, достижения, перспективы (к 100-летию со дня рождения академика Н.В. Турбина) : материалы Междунар. науч. Конф. 8–11 октября 2012 г. Минск, 2012. С. 136. *(Здобувач брав участь в обробці даних та інтерпретації отриманих результатів).*

4. **Syrovnev G.I.,** Smetanin V.T. The Effect Of Polymorphism In Mucin 4 (*MUC4*) Gene On Quantitative Traits Of Pigs. Хімія та сучасні технології : тези доповідей VI Міжнар. наук.-техн. конф. студентів, аспірантів та молодих вчених 24–26 квітня 2013 р. Дніпропетровськ, 2013. С. 13. *(Здобувачем отримано експериментальні дані, виконано статистичну обробку даних та підготовлено матеріали до друку).*

5. **Сировнев Г.И.** Структура генофонду закритої популяції свиней української м'ясної породи за локусами *FUT1* та *MUC4* : матеріали XI Наук. конф. молодих вчених та аспірантів 16 травня 2013 р. Чубинське: ІРГТ НААН., 2013. С. 74–75.

6. **Сировнев Г.И.,** Сметанин В.Т. Ветеринарна генетика – запорука екологічно чистого свинарства. Екотрофологія. Прогрес, проблеми, перспективи екологічно безпечного виробництва : матеріали IV міжнар наук.-практ. конф., присвяченої 10-річчю кафедри екотрофології БНАУ 10 жовтня 2013 р. Біла Церква: БНАУ, 2013. С. 106. *(Здобувач брав участь в обробці даних та інтерпретації отриманих результатів та підготував матеріали до друку).*

7. **Сировнев Г.И.** Генетична обумовленість стійкості поросят до колібактеріозу із різними алельними формами генів *FUT1* та *MUC4*. Актуальні питання технологій тваринництва та ветеринарної медицини : матеріали Всеукр. наук.-практ. інтернет-конф., присвяченої 100-річчю факультету технологій продукції тваринництва та менеджменту 17 грудня 2020 р. Харків: Харківська державна зооветеринарна академія, 2020. С. 63–66.

АНОТАЦІЯ

Сировнев Г.И. Гени *ECR F18/FUT1* і *ECR F4/MUC4* та їх вплив на господарські корисні ознаки свиней у закритій популяції. – На правах рукопису.

Дисертація на здобуття наукового ступеня кандидата сільськогосподарських наук за спеціальністю 03.00.15 – генетика. – Дніпровський державний аграрно-економічний університет. – Інститут розведення і генетики тварин імені М.В. Зубця НААН, с. Чубинське, Київської обл., 2021.

Дисертація присвячена дослідженню генетичної структури української м'ясної породи свиней внутрішньопородного типу селекції Дніпропетровського СГІ за генами альфа-фукозилтрансферази-1 (*FUT1*) та муцину 4 (*MUC4*), асоційованих зі

стійкістю поросят колибактеріозу; також визначено зв'язок між генотипами тварин і показниками продуктивності.

За допомогою методу ПЛР-ПДРФ визначено частоти алелів та генотипів генів *FUT1* і *MUC4*. У популяції присутній поліморфізм за усіма алелями генів *FUT1* і *MUC4*, однак їх розподіл у внутрішньопопуляційних групах неоднорідний.

У цілому досліджувана популяція свиней за геном *FUT1* характеризується частотою 0,29 бажаного алеля А. В інбредній групі тварин частота бажаного алеля А становить 0,09. Серед інбредних тварин переважає генотип GG (0,71), а серед аутбредних – AG (0,63).

Значна частина тварин популяції за геном *MUC4* представлена бажаним генотипом GG (0,30). Для інбредної групи свиней характерна висока концентрація алеля G – 0,72 і відсутність тварин з генотипом CC.

Визначено генетичну структуру ліній і родин свиней за генами *FUT1* і *MUC4*. Проведено аналіз генетичних взаємовідносин між родинами та лініями досліджуваної популяції свиней та побудовано дендрограму генетичних зв'язків.

Досліджено вплив генотипу батьківських форм за генами *FUT1* і *MUC4* на процеси відтворення, збереженість та ріст поросят у ранній постнатальній період у порівнянні з традиційними зоотехнічними методами розведення.

Ключові слова: українська м'ясна порода, популяція, свині, поліморфізм, локус, ген, *FUT1*, *MUC4*, гетерозиготність, індекс фіксації Райта, родина, лінія.

АННОТАЦІЯ

Сыровнев Г.И. Гены *ECR F18/FUT1* і *ECR F4/MUC4* и их влияние на хозяйственно полезные признаки свиней в закрытой популяции. – На правах рукописи.

Диссертация на соискание ученой степени кандидата сельскохозяйственных наук по специальности 03.00.15 – генетика. – Днепропетровский государственный аграрно-экономический университет. – Институт разведения и генетики животных НААН, с. Чубинское, Киевской обл., 2021.

Диссертация посвящена исследованию генетической структуры украинской мясной породы свиней внутривидового типа селекции Днепропетровского СХИ по генам альфа-фукозилтрансферазы-1 (*FUT1*) и муцина 4 (*MUC4*), ассоциированных с устойчивостью поросят колибактеріозу; также определена связь между генотипами животных и показателями продуктивности.

С помощью метода ПЦР-ПДРФ определены частоты аллелей и генотипов генов *FUT1* и *MUC4*. В популяции присутствует полиморфизм по всем аллелям генов *FUT1* и *MUC4*, однако их распределение во внутривидовых группах неоднородно.

В целом исследуемая популяция свиней по гену *FUT1* характеризуется частотой 0,29 желаемого аллеля А. В инбредной группе животных частота желаемого аллеля А составляет 0,20. Среди инбредных животных преобладает генотип GG (0,71), а среди аутбредных – AG (0,63).

Значительная часть животных популяции по гену *MUC4* представлена желаемым генотипом GG (0,30). Для инбредной группы свиней характерна высокая концентрация аллеля G – 0,72 и отсутствие животных с генотипом CC.

Определена генетическая структура линий и семейств свиней по генам *FUT1* и *MUC4*. Проведен анализ генетических взаимоотношений между семействами и линиями исследуемой популяции свиней, построена дендрограмма генетических связей.

Исследовано влияние генотипа родительских форм по генам *FUT1* и *MUC4* на процессы воспроизводства, сохранность и рост поросят в ранний постнатальный период в сравнении с традиционными зоотехническими методами разведения.

Ключевые слова: украинская мясная порода, популяция, свиньи, полиморфизм, локус, ген, *FUT1*, *MUC4*, гетерозиготность, индекс фиксации Райта, семейство, линия.

ABSTRACT

Syrovnev G.I. Genes *ECR F18/FUT1* and *ECR F4/MUC4* and their effect on the quantitative traits of pigs in a closed population. – Manuscript copyright.

Thesis for a degree in Agricultural Sciences (PhD), specialty 03.00.15 – Genetics. – Dnipro State Agrarian and Economic University. – M.V. Zubets Institute of Breeding and Animal Genetics, the National Academy of Agrarian Sciences in Ukraine, Chubynske vil., Kyiv region, 2021.

The thesis is devoted to study the genetic structure of pigs of the Ukrainian meat breed intrapopulation type of Dnepropetrovsk agricultural Institute selection for genes alpha fucosyltransferase-1 (*FUT1*) and mucin 4 (*MUC4*), which associated with resistance to colibacteriosis and the relationships between animal genotypes and performance.

The frequencies of alleles and genotypes of *FUT1* and *MUC4* genes were determined using the PCR-RFLP method. In the population polymorphism for all alleles of genes *FUT1* and *MUC4* was founded, but their distribution in interpopulation groups is heterogeneous.

The studied population of pigs on the *FUT1* gene is characterized by a frequency of 0,29 of the desirable allele A. In the inbred group of animals, the frequency of the desirable allele A is 0,20. Among inbred animals the genotype GG (0,71) prevails, and among outbred animals – AG (0,63).

A significant part of the animal population on the *MUC4* gene is represented by the desirable genotype GG (0,30). The inbred line of pigs is characterized by a high concentration of the allele G – 0,72 and the absence of animals with the CC genotype.

The genetic structure of pig lines and families of *FUT1* and *MUC4* genes was determined. The analysis of genetic relationships between families and lines in the studied population of pigs is carried out and the dendrogram of genetic relationships is constructed.

The influence of the genotype of parental forms on genes *FUT1* and *MUC4* on the processes of reproduction, safety and piglets growth in the early postnatal period in comparison with traditional zootechnical methods was studied.

Key words: Ukrainian meat breed, population, pigs, polymorphism, locus, gene, *FUT1*, *MUC4*, heterozygosity, Wright fixation index, family, line.

ДЛЯ НОТАТОК