

ВЛИЯНИЕ ОТЦОВСКОГО ГЕНОТИПА ПО ЛОКУСУ ГЕНА ECR F18/FUT1 НА СОХРАННОСТЬ ПОРОСЯТ–СОСУНОВ

Д.А. КАСПИРОВИЧ¹, О.А. ЕРМАК¹, Н.А. ГЛИНСКАЯ¹, В.А. ДОЙЛИДОВ²

¹Полесский государственный университет,

г. Пинск, Республика Беларусь

²Витебская государственная академия ветеринарной медицины,

г. Витебск, Республика Беларусь

Введение. В свиноводстве кишечные расстройства у поросят – это одна из самых широко распространенных и серьезных проблем, следствием которой являются ежегодные экономические потери.

Одной из основных причин, вызывающих высокую смертность поросят в неонатальный период (первые недели жизни), является колибактериоз, лечение и профилактика которого осложнены из-за широкой вариативности свойств и множественной устойчивости возбудителя к различным антибактериальным препаратам.

Колибактериоз – острая инфекционная болезнь молодняка свиней, характеризующаяся диареей, тяжелой интоксикацией и обезвоживанием организма, а также расстройством сердечно-сосудистой и центральной нервной систем [1].

Возбудитель колибактериоза – кишечная палочка (*E. Coli*) – грамотрицательная бактерия с закрученными концами, длиной 2–3 и шириной 0,4–0,6 мкм [9]. Обладает подвижностью за счет жгутиков, расположенных по всей поверхности клеточной стенки [2].

Известно, что кишечная палочка – это постоянный обитатель кишечника всех животных, оказывающий несомненную пользу в ходе пищеварения при нормальном состоянии организма. Однако при ослаблении его сопротивляемости свойства *E. coli* изменяются, и она может отрицательно влиять на здоровье животных [5].

Серогруппы *E. coli*, имеющие пилы, продуцируют специфические адгезины – факторы прикрепления к соответствующим рецепторам энтероцитов тонкого кишечника. Таким образом, патогенные *E. coli* защищены от механического удаления вместе с содержимым кишечника. В итоге выделившиеся токсины прекращают абсорбирующую деятельность эпителиальных клеток, что приводит к развитию диареи.

Одним из специфических адгезинов, которые играют наиболее важную роль, является F18. *E. coli* с типом фимбрий F18 – причина как неонатальной, так и послеотъемной диареи. Данный недуг приводит к гибели большей части заболевших особей [7, 10, 11].

Заболеваемость молодняка колибактериозом среди неблагополучных свиноводческих хозяйств Беларуси составляет порядка 90%, при этом летальность достигает 40%. Экономический ущерб от заболевания представлен не только недополученной продукцией, но и затратами на лечение больных животных, специфическую профилактику заболевания.

Широкое распространение колибактериоза в хозяйствах промышленного типа обусловлено высокой концентрацией животных на ограниченной площади, невыполнением ветеринарно-санитарных норм, отсутствием эффективных мер борьбы [4].

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

Причиной полиморфизма гена ECR F18/FUT1 является точечная мутация A→G в позиции 307. Свиньи генотипов ECR F18/FUT1^{GG} и ECR F18/FUT1^{AG} восприимчивы к колибактериозу, а особи генотипа ECR F18/FUT1^{AA} – устойчивы [3, 6, 8, 12].

В настоящее время в странах с развитым свиноводством в целях профилактики распространения колибактериоза селекционными программами предусмотрено обязательное тестирование родительских форм по гену ECR F18/FUT1. Селекция генетически устойчивых особей является наиболее эффективным и экономически выгодным способом борьбы с данным заболеванием.

Поэтому с целью создания конкурентоспособных экспортируемых свиней пород белорусской селекции и выхода на европейские стандарты, а также с целью сокращения потерь молодняка свиней необходимо проводить мониторинг племенных животных на полиморфизм гена ECR F18/FUT1.

Цель работы – выявить влияние разных генотипов хряков–производителей по локусу гена ECR F18/FUT1 на сохранность их потомства.

Методика и объекты исследования. Работа выполнялась в рамках договора № Б13М–173 от 16.04.2013 г., заключенного с белорусским республиканским фондом фундаментальных исследований.

Объект исследований – хряки–производители пород отечественной селекции (белорусская крупная белая), западных пород (ландрас, дюрок), а также помесные животные сочетания белорусская мясная × ландрас.

В качестве биологического материала для проведения ДНК–анализа использован эякулят животных, разводимых в СГЦ «Западный» Брестского района.

ДНК выделялась из биологического материала перхлоратным методом для последующего генетического анализа. Предварительно были оптимизированы тест–системы для выявления полиморфных вариантов гена ECR F18/FUT1 методом ПЦР–ПДРФ на базе НИЛ лонгитудинальных исследований УО «Полесский государственный университет» и ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси».

По результатам ДНК–анализа была изучена генетическая структура популяций хряков–производителей исследуемых пород по локусу гена ECR F18/FUT1, а также влияние отцовского генотипа на сохранность молодняка к отъему.

Частоты аллелей и генотипов по гену ECR F18/FUT1 рассчитаны общепринятыми методами, предложенными Е. К. Меркурьевой.

Частоту аллелей рассчитывали по формуле:

$$p \text{ или } q = F/2N,$$

где

F – число аллеля в популяции;

N – число животных;

p и q – частоты альтернативных аллелей.

Долю гомо– и гетерозиготных животных выявляли путем подсчета числа животных с тем или другим генотипом от общего числа исследованных животных в процентах.

Сохранность молодняка рассчитывалась с учетом технологических норм выравнивания гнезд, принятых на свиноводческих предприятиях, согласно которым в многоплодных гнездах оставляют по 12–13 поросят. При расчетах не учитывались гнезда с аварийными опоросами и гнезда, в которых осуществлялась подсадка поросят.

Обработка цифрового материала проводилась путем биометрического анализа с последующим расчетом таких показателей, как средняя арифметическая величина признака (M), ошибка средней арифметической ($\pm m$), критерий достоверности разницы между средними арифметическими значениями сравниваемых групп по определенным признакам (td).

В анализе помимо данных собственных исследований использовались данные материалов зоотехнического и племенного учета хозяйства.

Принято следующее условное обозначение уровня достоверности при сравнении полученных результатов: * – $P < 0,05$, ** – $P < 0,01$, *** – $P < 0,001$.

Результаты и их обсуждение. По результатам ПЦР–ПДРФ–анализа была изучена генетическая структура популяций хряков–производителей отечественной селекции и западных пород. Первоначально были рассчитаны частоты встречаемости аллелей гена ECR F18/FUT1 в популяциях хряков белорусской крупной белой породы и хряков западных пород. Результаты представлены на рисунке 1.

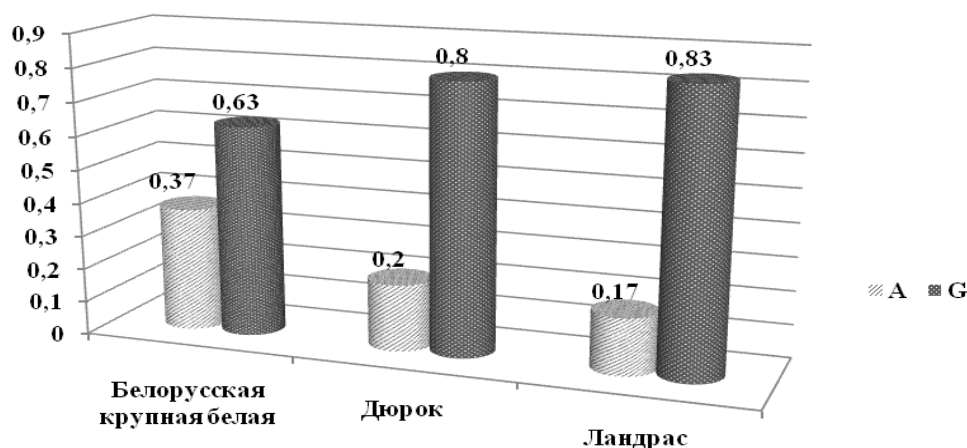


Рисунок 1 – Частоты встречаемости аллелей гена ECR F18/FUT1 в популяциях хряков

Согласно литературным данным, частота встречаемости аллеля ECR F18/FUT1^A, связанного с устойчивостью к колибактериозу, в популяциях животных европейских пород свиней варьирует от 22% (польский ландрас) до 69% (Mangalitsa).

В наших исследованиях наивысшая частота встречаемости аллеля ECR F18/FUT1^A была установлена среди животных породы белорусская крупная белая – 0,37. У животных породы дюрок и ландрас частота встречаемости данного аллеля составила 0,2 и 0,17.

Также нами была установлена относительно высокая частота встречаемости мутантного аллеля ECR F18/FUT1^G. Так, в структуре популяции хряков белорусской крупной белой породы частота этого аллеля составила 0,63, в популяции хряков породы ландрас – 0,83.

Далее нами были рассчитаны частоты встречаемости генотипов по локусу гена ECR F18/FUT1 в исследуемых популяциях хряков–производителей. Результаты представлены в таблице 1.

Таблица 1 – Генетическая структура популяций хряков по локусу гена ECR F18/FUT1

Породы	n	Частоты генотипов, %		
		AA	AG	GG
Белорусская крупная белая	23	21,7	30,4	47,9
Дюрок	22	4,5	31,8	63,7
Ландрас	12	8,3	16,7	75,0

Была установлена относительно высокая частота генотипа ECR F18/FUT1^{AA} в популяции хряков белорусской крупной белой породы – 21,7%. Меньшими частотами отличались популяции хряков пород ландрас и дюрок – 8,3% и 4,5% соответственно.

На долю гетерозиготного генотипа ECR F18/FUT1^{AG} пришелся достаточно большой удельный вес – среди протестированных животных белорусской крупной белой породы и породы дюрок частоты составили 30,4% и 31,8% соответственно.

Среди популяций хряков–производителей практически все исследуемые породы отличались высокой частотой встречаемости восприимчивого генотипа ECR F18/FUT1^{GG}: белорусская крупная белая порода – 47,9%, дюрок – 63,7%, ландрас – 75%.

Также нами были рассчитаны частоты встречаемости аллелей гена ECR F18/FUT1 в популяции помесных хряков сочетания белорусская мясная × ландрас. Результаты представлены на рисунке 2.

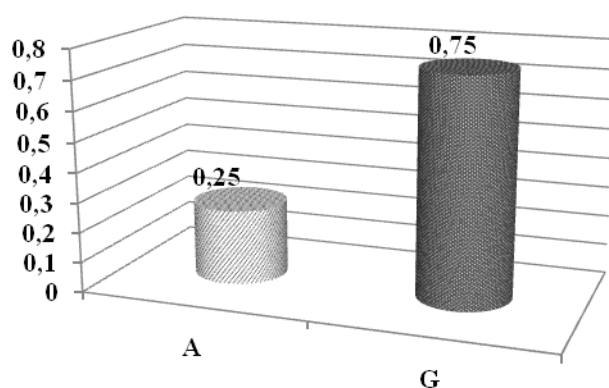


Рисунок 2 – Частоты встречаемости аллелей гена ECR F18/FUT1 в популяции помесных хряков (БМ × Л)

Как видно из рисунка 2, частота встречаемости восприимчивого аллеля ECR F18/FUT1^G достаточно велика – 0,75.

Следующим шагом мы рассчитали частоты встречаемости генотипов по локусу исследуемого гена в популяции помесных хряков.

Полученные данные показали, что генотипа ECR F18/FUT1^{AA} среди подопытных животных выявлено не было. Частоты же встречаемости генотипов ECR F18/FUT1^{AG} и ECR F18/FUT1^{GG} распределились поровну – по 50%.

В ходе дальнейших исследований был проведен анализ влияния отдельных полиморфных вариантов гена ECR F18/FUT1 у хряков на сохранность их потомства (таблица 2).

Таблица 2 – Влияние генотипа хряков по гену ECR F18/FUT1 на сохранность поросят к отъему

Порода	Генотипы хряков	Количество опоросов	Многоплодие, гол.	Количество поросят после выравнивания гнезд, гол.	Количество поросят при отъеме, гол.	Сохранность поросят к отъему, %
Белорусская крупная белая	AA	105	11,4±0,15	11,2±0,09	9,7±0,07*	87,3±0,82*
	AG	120	11,6±0,15	11,4±0,08	9,7±0,06*	85,6±0,85
	GG	345	11,3±0,08	11,3±0,05	9,5±0,05	84,8±0,57
Дюрок	AA	12	11,6±0,56	11,1±0,25	10,8±0,28*	91,2±2,42*
	AG	76	11,7±0,16*	11,3±0,10	9,4±0,10	83,4±1,16
	GG	133	11,2±0,10	11,1±0,08	9,4±0,07	85,2±0,94
Ландрас	AA	64	11,7±0,17	11,4±0,11	10,5±0,09	91,8±0,89
	AG	992	11,5±0,04	11,4±0,03	10,0±0,02	87,8±0,30
	GG	644	11,7±0,05	11,4±0,03	10,2±0,20	88,9±1,71
Белорусская мясная × ландрас	AG	22	11,7±0,37	11,2±0,18	10,0±0,18	89,6±1,47
	GG	26	11,8±0,28	11,6±0,22	10,0±0,11	86,8±1,81

Как видно из данной таблицы, сохранность потомков хряков белорусской крупной белой породы генотипа ECR F18/FUT1^{AA} достоверно ($P < 0,05$) была выше сохранности потомков животных генотипа ECR F18/FUT1^{GG} на 2,5 проц. пункта. Разница по данному показателю между генотипами хряков ECR F18/FUT1^{AA} и ECR F18/FUT1^{AG} составила 1,7 проц. пункта.

Хряки–производители породы дюрок генотипа ECR F18/FUT1^{AA} по сохранности потомков достоверно ($P < 0,05$) превосходили хряков генотипа ECR F18/FUT1^{GG} на 6,0 проц. пункта, а животных гетерозиготного генотипа ECR F18/FUT1^{AG} – на 7,8 проц. пункта.

Тенденция превосходства отцовского генотипа ECR F18/FUT1^{AA} по сохранности поросят–сосунов к отъему над генотипами ECR F18/FUT1^{AG} и ECR F18/FUT1^{GG} была отмечена и среди подопытных животных породы дюрок. Так, разница между данными генотипами составила 4,0 и 2,9 проц. пункта соответственно.

Что касается помесных хряков–производителей сочетания белорусская мясная × ландрас, то достоверной разницы между отцовскими генотипами установлено не было, но отмечена тенденция повышения сохранности молодняка, полученного от хряков генотипа ECR F18/FUT1^{AG}, на 2,8 проц. пункта в сравнении с генотипом ECR F18/FUT1^{GG}.

Достоверные различия между отцовскими генотипами были установлены и по количеству поросят при отъеме. Так, хряки белорусской крупной белой породы генотипов ECR F18/FUT1^{AA} и ECR F18/FUT1^{AG} достоверно ($P < 0,05$) превосходили отцов генотипа ECR F18/FUT1^{GG} по данному показателю на 0,2 головы.

Хряки породы дюрок генотипа ECR F18/FUT1^{AA} достоверно ($P < 0,05$) превосходили животных генотипа ECR F18/FUT1^{GG} по количеству поросят к отъему на 1,4 головы.

Данные таблицы 2 позволяют также заключить, что генотипы хряков–производителей не влияют на многоплодие свиноматок. В любом случае этот показатель наследуется дочерью от матери.

Выводы. В ходе проведенных нами исследований были установлены невысокие частоты встречаемости предпочтительного аллеля ECR F18/FUT1^A в исследуемых популяциях животных: белорусская крупная белая порода – 0,37; помесные животные сочетания белорусская мясная × ландрас – 0,25; ландрас – 0,17 и дюрок – 0,2. При этом частота встречаемости генотипа ECR F18/FUT1^{AA} составила: белорусская крупная белая порода – 21,7%; ландрас – 8,3% и дюрок – 4,5%. У хряков сочетания белорусская мясная порода × ландрас генотипа ECR F18/FUT1^A выявлено вообще не было.

В то же время в исследованных популяциях установлена достаточно высокая частота встречаемости нежелательного генотипа ECR F18/FUT1^{GG} – от 47,9 (белорусская крупная белая порода) до 63,7% (дюрок).

По результатам исследования влияния отцовского генотипа по локусу гена ECR F18/FUT1 на сохранность поросят–сосунов было установлено, что предпочтительным является генотип ECR F18/FUT1^{AA}. Использование в схемах подбора хряков данного генотипа в сравнении с нежелательным генотипом ECR F18/FUT1^{GG} позволит повысить выход молодняка к отъему, полученного от одной свиноматки за опорос, на 0,2–1,4 головы.

Полученные результаты свидетельствуют о необходимости ДНК–анализа отечественных и в особенности импортируемых пород свиней по локусу гена ECR F18/FUT1 с целью создания устойчивых к колибактериозу стад.

ЛИТЕРАТУРА

1. Анисим, И.А. Патологоанатомическая диагностика инфекционных болезней свиней / И.А. Анисим [и др.]; под ред. М. С. Жакова. – Минск: Ураджай, 1980. – 135 с.
2. Болезни сельскохозяйственных животных / П.А. Красочко [и др.]; науч. ред. П.А. Красочко. – Минск: Бизнесофсет, 2005. – 800 с.
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. Волкова, М.В. Методы лечения и профилактики колибактериоза свиней / М.В. Волкова, В.Н. Ласковский // Аграрная наука. – 2005. – № 12. – С. 23–25.
5. Гутковский, А.А. Колибактериоз телят и поросят / А. А. Гутковский, Г. Л. Дворкин. – Минск: Ураджай, 1989. – 160 с.
6. Левитчинков, А.Н. Генетический статус свиней по гену рецептора E. coliF18 (ECRF18 / FUT1) у свиней ЗАО ПЗ «Заволжское» Тверской области / А. Н. Левитчинков, Н. А. Зиновьева, К. М. Шайрина // Современные достижения и проблемы биотехнологии сельскохозяйственных животных: материалы 6–ой Международной научной конференции, Дубровицы, 19–20 декабря 2006 г. / ВИЖ. – Дубровицы, 2006. – С. 123–125.
7. Лобан, Н.А. Влияние полиморфизма гена рецептора E. Coli на проявление колибактериоза и признаки продуктивности свиней / Н. А. Лобан, О. Я. Василюк // Ветеринарная медицина Беларуси. – 2004. – № 2. – С. 6–7.
8. Лобан, Н.А. Молекулярная генная диагностика в свиноводстве Беларуси / Н.А. Лобан, Н.А. Зиновьева, О. Я. Василюк. – Дубровицы: ВИЖ, 2005. – 42 с.
9. Справочник врача ветеринарной медицины / под ред. А. И. Ятусевича. – Минск : Техноперспектива, 2007. – 971 с.

10. Fairbrother, J.M. Escherichia coli in postweaning diarrhea in pigs: an update on bacterial types pathogenesis and prevention strategies / J.M. Fairbrother, É. Nadeau, C. L. Gyles // Animal Health Research Reviews. – 2005. – Vol. 6. – P. 17–39.

11. Gaastra, W. Host specific fimbrialadhesinset noninvasive enterotoxigenic E. Coli strains / W. Gaastra, F. Graaf // Microbiol. Rev. – 1982. – Vol. 46, N 2. – P. 129–161.

12. Two alpha (1,2) fucosyltransferase genes on porcine chromosome 6q11 are closely linked to the blood group inhibitor (s) and Escherichia coli F18 receptor (ECR F18R) loci / E. Meijerink [et al.] // Mamm. Genome. – 1997. – Vol. 8 (10). – P. 736–741.

INFLUENCE OF THE FATHERLY GENOTYPE ON ECR F18/FUT1 GENE LOCUS ON SAFETY OF YOUNG GROWTH OF PIGS

D.A. KASPIROVICH, N.A. GLINSKAYA, O.A. YERMAK, V.A. DOYLIDOV

Summary

Polymorphism of population of male pigs of the Belarus large white breed and animal western breeds on a locus of gene ECRF18/FUT1 is studied.

By results of research of association of gene ECRF18/FUT1 with safety of young growth preferable fatherly genotype ECR F18/FUT1GG has been revealed.

Key words: ECRF18/FUT1 gene, fatherly genotype, safety of pigs, alleles, genotypes, occurrence frequency.

© Каспирович Д.А., Ермак О.А., Глинская Н.А., Дойлидов В.А.

Поступила в редакцию 3 ноября 2014г.