УДК 577.21; 636.082

Рудоман Г.С., аспірант*
Балацький В.М., кандидат біологічних наук
Інститут свинарства і агропромислового виробництва НААН

ГЕНЕТИЧНА СТРУКТУРА СВИНЕЙ ВЕЛИКОЇ БІЛОЇ ПОРОДИ УКРАЇНСЬКОЇ ТА АНГЛІЙСЬКОЇ СЕЛЕКЦІЇ ЗА ГЕНАМИ *FUT1* І *MUC4* АСОЦІЙОВАНИМИ З РЕЗИСТЕНТНІСТЮ ТВАРИН ДО КОЛІБАКТЕРІОЗУ

Рецензент – кандидат сільськогосподарських наук С. М. Корінний

Представлені результати ДНК-типування свиней великої білої породи англійської селекції та української великої білої внутріпородних типів 1 та 3 за локусами FUT1 та MUC4, що асоційовані зі стійкістю тварин до колібактеріозу. Визначено розподіл частот алелей та генотипів, рівень гетерозиготності та фіксаційний індекс. По локусу гена FUT1 високими рівнями прямої і очікуваної гетерозиготності характеризується українська велика біла порода внутріпородний тип 1 та велика біла англійської селекції. По локусу MUC4 найбільший рівень прямої гетерозиготності спостерігався в популяції свиней ВБА. Аналіз поширення різних генотипів гену FUT1 показав домінування генотипу GA (0,320-0,560) серед досліджуваних популяцій. Аналіз розподілу генотипів по локусу MUC4 свідчить про перевагу генотипів GG і GC у всіх популяціях. Для великої білої породи англійської селекції та української великої білої тип 1 встановлено статистично достовірне відхилення частот генотипів від їх очікуваного розподілу згідно закону Харді-Вайнберга. Наявний поліморфізм даних генів надає можливість проводити маркерну селекцію з метою створення стад тварин генетично резистентних до кишкової інфекції.

Ключові слова: велика біла порода, колібактеріоз, резистентність, ДНК типування, ген FUT1, ген MUC4, популяція.

На сьогоднішній день однією із найбільш розповсюджених і важливих проблем у свинарстві є кишкові захворювання молодняку, а саме колібактеріоз. Ця інфекційна хвороба має гострий перебіг і викликається ентеропатогенними штамами бактерії Escherichia coli. Основні ознаки – це діарея, нервові явища (судоми, парези, паралічі), набряк тканин і органів. Загибель поросят від колібактеріозу в перші неділі після опоросу становить від 30 до 70% [2, 3, 7, 10]. Дане захворювання завдає значних збитків господарствам внаслідок недоотримання молодняку, відставання у рості і розвитку тварин, що перехворіли, та потребує великих затрат на лікувально-профілактичні заходи. Окрім того небезпечним є споживання продукції свинарства контамінованого патогенними штамами збудника ешерихіозу, що може стати причиною спалахів інфекцій серед людей [2, 10]. Патогенні властивості даних бактерій спричинені наявністю білкових антигенів (у формі ворсинок) на поверхні клітини, що є факторами прикріплення до специфічних рецепторів ентероцитів тонкого відділу кишечника. Після прикріплення ешерихії швидко розмножуються і виділяють токсини, які відразу поглинаються слизовою оболонкою кишечника. Внаслідок дії даних токсинів виникають діарея, набряки та інші ознаки захворювання [6, 9, 13].

Одним із нових і перспективних підходів щодо профілактики колібактеріозу є застосування маркер – асоційованої селекції, яка передбачає генотипування свиней за локусами геному, що асоційовані із сприйнятливістю тварин до цього захворювання, і відбору за результатами генотипування тварин з підвищеною резистентністю. За

**Науковий керівник – кандидат біологічних наук, професор Балацький В.М.*

даними ряду досліджень до таких локусів відносяться гени α-фукозилтрансферази 1 (*FUT1*) та муцину 4 (*MUC4*) [11, 12, 15].

Ген *FUT1* локалізований в хромосомі 6. В результаті його секвенування у свиней порід велика біла та шведський ландрас був виявлений однонуклеотидний поліморфізм (SNP, single nucleotide polymorphism) g. 307 G>A, який впливає на властивості рецепторів на поверхні ентероцитів. Алелі A і G гену *FUT* асоційовані з адгезивними властивостями рецепторів кишечнику і, відповідно, забезпечують різну чутливість до колібактеріозу. Алель A асоційований з більшою стійкістю тварин до колібактеріозу у порівнянні з алелем G [15].

Ген *MUC4,* розташований у хромосомі 13, відповідає за синтез білка муцину. Муцин – мембранний білок, виробляється апікальною поверхнею епітеліальних клітин, захищає їх від хвороботворних бактерій. В результаті точкової заміни, SNP g. 1849 G>C, змінюється структура білка муцину, що зумовлює зміну чутливості слизової оболонки кишечника до патогенної кишкової палички. Алель G та, відповідно, генотип GG визначають стійкість до колібактеріозу і є бажаними, тоді як тварини з генотипами CC і GC є сприйнятливими до даного захворювання. [13].

За геном *FUT1* згідно даних закордонних дослідників у великій білій породі свиней частота бажаного алеля A коливається в межах 0,120-0,250 [3, 4, 7, 9, 13]. В країнах Європи, Білорусі та Росії подібні результати отримані і для порід ландрас, дюрок, п'єтрен, гемпшир, естонська беконна, білоруська чорно-ряба, білоруська м'ясна [2, 6, 9, 11]. Серед популяцій деяких аборигенних порід Чехії та Польщі кількість тварин з бажаним генотипом AA значно вища у порівнянні з іншими. Наприклад, 35,5 % поголів'я злотницької плямистої та 83,6 % пржештицької чорно-рябої мають даний генотип [14, 16]. У Китаї серед популяцій місцевих порід, а також у азіатського дикого кабана взагалі не знайдено заміни G→A у позиції 307 гену *FUT1* [17]. Згідно результатів ряду досліджень було встановлено позитивний влив алеля A не тільки на сприйнятливість свиней до колібактеріозу, а також і на показники відгодівельної та м'ясної продуктивності та репродуктивні якості. Тварини з генотипом AA та AG мали вищі результати за середньодобовим приростом, віком досягнення живої маси 100 кг, довжиною туші, у свиноматок – за молочністю, масою гнізда при народженні та багатоплідністю у порівнянні з тваринами, що були носіями генотипу GG [2, 4, 11]. Аналіз зв'язку поліморфних варіантів гену *FUT1* із показниками спермопродукції кнурів-плідників виявив, що тварини з генотипом AA мали нижчий відсоток вад еякуляту, вищу концентрацію сперміїв в еякуляті у порівнянні з кнурами із генотипами GG та AG [11].

Генотипування за геном *MUC4* проводилося серед порід велика біла, гемпшир, дюрок, ландрас та європейський дикий кабан. Частота потенційно шкідливого алеля C коливалась в межах 0,060-0,960 [3, 4, 13]. Результати досліджень поголів'я білоруської великої білої породи показали, що частота бажаного генотипу GG коливається у широкому діапазоні – 0,230 у свиноматок та 0,680 у кнурів [6]. Для даної породи встановлено позитивний вплив підбору батьківських форм із генотипами GG на збереженість поросят за підсисний період [6].

В Україні подібні дослідження проводилися фрагментарно і лише на тваринах української м'ясної породи [9, 12], яка складає не більше 4-4,5 % всього поголів'я свиней. У той же час генетична структура найбільш поширеної в Україні великої білої породи свиней (більше 60 % від всього поголів'я) за генами *FUT1* та *MUC4* і, відповідно, її генетичний потенціал щодо стійкості до колібактеріозу недостатньо досліджені, особливо у розрізі типів різного походження і напрямку продуктивності. В даний час українська велика біла (УВБ) порода свиней представлена декількома типами: типом 1 (УВБ1) з покращеними материнськими якостями та типами 2 і 3 (УВБ2, УВБ3) з покращеними відгодівельними і м'ясними характеристиками. Крім того достатньо широко використовуються тварини великої білої породи європейської селекції, зокрема англійської (ВБА), які також відносяться до м'ясного напрямку продуктивності. Виходячи з цього, а також з попередньо наведених даних, представляється доцільним

провести дослідження поліморфізму генів *FUT1* та *MUC4* в популяціях свиней великої білої породи різних типів, походження і напрямку продуктивності для оцінки їх потенційної генетичної резистентності до колібактеріозу і можливості проведення маркерної селекції на стійкість до цього захворювання.

Матеріали і методи. Метою досліджень було визначити генетичну структуру великої білої породи свиней англійської селекції (ВБА) та внутріпородних типів української великої білої породи (УВБ-1, УВБ-3) за генами *FUT1* і *MUC4,* оцінити їх потенційну генетичну резистентність до колібактеріозу; за аналізом поліморфізму генів встановити можливість проведення маркерної селекції для підвищення генетичної резистентності. Для досліджень були використані зразки біоматеріалу (кров, щетина) від тварин з наступних підприємств: ПГ «Степной» Запорізької обл. – велика біла порода англійської селекції (n=50), ДП ДГ «Степне» Полтавської обл. – українська велика біла внутріпородний тип 1 (n=50), ТОВ АФ «Оржицьке» Полтавської обл. – українська велика біла внутріпородний тип 3 (n=50). Виділення ДНК зі зразків проводили сольовим методом [8] та з використанням іонообмінної смоли Chelex-100 [5]. Генотипування здійснювали методом ПЛР-ПДРФ [1]. Для полімеразної ланцюгової реакції використовували праймери наступної структури:

FUT1 Forward: 5/-CCAACGCCTCCGATTCCTGT-3/ [12, 15]
FUT1 Reverse: 5/ -GTGCATGGCAGGCTGGATGA-3/ [12, 15]
MUC4 Forward: 5/-GTGCCTTGGGTGAGAGGTTA-3/ [12, 13]
MUC4 Reverse: 5/-CACTCTGCCGTTCTCTTTCC -3/ [12, 13]

Синтез праймерів здійснено на базі науково-виробничої фірми “Литех”, (Росія). Локус специфічна ампліфікація здійснювалась за стандартною схемою: в 0,5-мл пробірках Eppendorf, вносили реакційну суміш (25 мкл.) наступного складу: 2,5 мкл універсального 10х PCR буферу, 2,5 мкл 2мМ dNTP, 1 мкл прямого F-праймеру (5 мкМ), 1мкл зворотного R-праймеру (5мкМ), 0,1мкл (5 од. акт.) Tag – полімерази, 16,9 мкл деіонізованої води та 1мкл ДНК – матриці (реактиви – Helicon, Росія). На готову ампліфікаційну суміш нашаровували 25 мкл мінеральної олії. Програма ампліфікації: 94^0C – 5хв.; 35 циклів: 94^0 C – 40 с, 60^0C – 40 с, 72^0C – 60 с, 72^0C – 5 хв. ПЛР проводили в термоциклері “Терцик-2” (ДНК – Технології, Росія). У результаті ампліфікації у ПЛР з праймерами для локусу *FUT1*синтезується фрагмент ДНК розміром 161 пар нуклеотидів (п.н.). Після його гідролізу рестриктазою HinPI (HspAI) (Fermentas, Литва) виникають фрагменти рестрикції, які відповідають певним *FUT1*-генотипам, (Табл.1). ПЛР-ампліфікація з праймерами для локусу *MUC4* результується у фрагменті ДНК розміром 367 п.н., після обробки якого рестриктазою XbaI (Fermentas, Литва) виникають фрагменти рестрикції, за складом і розміром яких визначають *MUC4*-генотипи, (табл.1). Гідроліз фрагментів ДНК рестриктазами здійснювався за умов, рекомендованих фірмою-виробником препаратів.

1.Фрагменти рестрикції і відповідні їм генотипи

Локус/ендонуклеаза рестрикції	Генотипи і відповідні фрагменти рестрикції у п.н.		
FUT1/ HinPI (HspAI)	AA: 161	GA:161, 117,44	GG: 117,44
MUC4/ XbaI	GG: 367	GC: 367, 216, 151	CC: 216, 151

Визначення розмірів фрагментів рестрикції здійснювали шляхом електрофорезу у 8 % поліакриламідному гелі. Візуалізацію ДНК після електрофорезу проводили шляхом фарбування геля у розчині бромистого етидію (0.5 μg/ml) з послідуючим переглядом на трансілюмінаторі в УФ – світлі і фотографуванням. Статистичну обробку отриманих даних здійснювали за допомогою комп’ютерної програми GenAlexs 6.0 [18].

Результати й обговорення. Результати ПЛР-ПДРФ аналізу представлені на рис. 1. Для кожного локусу одержано фрагменти ДНК, які відповідають певним генотипам тварин.

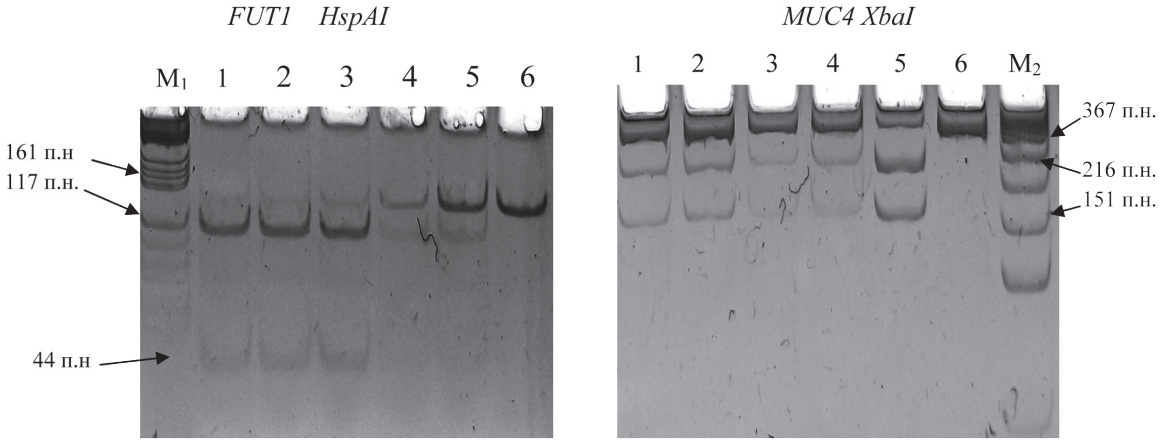

Рис. 1. Електрофорез у 8% поліакріламідному гелі продуктів HspAI та XbaI рестрикції фрагментів локусів FUT1 і MUC4: M_1 – маркер молекулярної маси pUC19/MspI, M_2 – маркер молекулярної маси pBR322/BsuRI, 1-6 – ДНК свиней відповідних генотипів: для гену FUT1 – № 4,5 – генотип GA, № 1,2,3, – генотип GG; №6– генотип AA; для гену MUC4 – № 1-4 – генотип GC, № 6 – генотип GG, № 5 – генотип CC

У таблиці 2 представлені основні генетико-популяційні параметри досліджуваних стад свиней за локусами генів *FUT1* і *MUC4.* У всіх популяціях виявлений значний поліморфізм як гену *FUT1,* так і *MUC4*. По локусу гена *FUT1* високими рівнями прямої і очікуваної гетерозиготності характеризується УВБ1 та ВБА. По локусу *MUC4* найбільший рівень прямої гетерозиготності спостерігається в популяції свиней ВБА. Щодо розподілу алелів, то слід зауважити, що за геном *FUT1* частота бажаного алеля А була значно нижчою, ніж частота алеля G (в межах 0,220-0,320 проти 0,680-0,780). У породі велика біла англійської селекції генотип АА взагалі не зустрічався. Це, певно, свідчить про недостатню генетичну резистентність всіх досліджуваних популяцій до колібактеріозу і можливість, при впровадженні маркерної селекції, збільшити частоту бажаного алелю і, відповідно, рівень резистентності. Аналіз поширення різних генотипів гену *FUT1* показує домінування генотипу GA (0,320-0,560) серед досліджуваних популяцій. Встановлено від'ємне значення індексу фіксації Райта для української великої білої породи внутріпородного типу 1 та великої білої англійської селекції, що є результатом надлишку гетерозигот (перевага фактичної гетерозиготності над очікуваною), тобто дані породи знаходяться в стані аутбридингу. Позитивне значення фіксаційного індексу для української великої білої породи внутріпородного типу 3 вказує на помірний інбридинг та селекційний тиск, який сприяє збільшенню частот генотипів GG (0,620) та GA (0,320). По локусу *MUC4* спостерігається дещо інша ситуація. Частоти альтернативних алелів у двох популяціях УВБ-3 і ВБА майже рівні, в УВБ-1 частота алелю G вища. Аналіз розподілу генотипів свідчить про перевагу генотипів GG і GC у всіх популяціях. Спираючись на літературні дані [6], можна припустити, що тварини з генотипом CC, які чутливі до кишкових інфекцій, гинуть в ранньому віці, тоді як особини з генотипами GG і GC є стійкими, і показують більший відсоток виживаності при народженні та у підсисний період [6, 8].

2. Розподіл частот алелів та генотипів по локусам *FUT1* і *MUC4* у популяціях свиней

Породи свиней	Частоти алелів		Частоти генотипів			Гетерозиготність		F	p
	FUT1								
	A	**G**	**GG**	**GA**	**AA**	**H_0**	**H_e**	**F**	**p**
УВБ-1	0,320	0,680	0,400 Fo 0,462 Fe	0,560 Fo 0,435 Fe	0,040 Fo 0,103 Fe	0,560	0,435	-0,287	0,043*
УВБ-3	0,220	0,780	0,620 Fo 0,608 Fe	0,320 Fo 0,343 Fe	0,060 Fo 0,049 Fe	0,320	0,343	0,068	0,633
ВБА	0,280	0,720	0,440 Fo 0,518 Fe	0,560 Fo 0,403 Fe	0,00 Fo 0,079 Fe	0,560	0,403	-0,389	0,006**
MUC4									
	G	**C**	**GG**	**GC**	**CC**	**H_0**	**H_e**	**F**	**p**
УВБ-1	0,670	0,330	0,380 Fo 0,449 Fe	0,580 Fo 0,442 Fe	0,040 Fo 0,109 Fe	0,580	0,442	-0,312	0,028*
УВБ-3	0,590	0,410	0,360 Fo 0,348 Fe	0,460 Fo 0,484 Fe	0,180 Fo 0,168 Fe	0,460	0,484	0,049	0,728
ВБА	0,550	0,450	0,140 Fo 0,303 Fe	0,820 Fo 0,495 Fe	0,040 Fo 0,202 Fe	0,820	0,495	-0,657	0,000***

F – індекс фіксації Райта
F_0 – фактична частота генотипів
F_e – очікувана частота генотипів
p – поріг достовірності відхилення між емпіричними та теоретичними частотами генотипів відносно закону Харді – Вайнберга
** P<0.05, ** P<0.01, *** P<0.001*

Популяції великої білої породи англійської селекції та української великої білої тип 1 характеризувалась від'ємним фіксаційним індексом, а також помітною різницею між фактичною (0,820) та очікуваною (0,495) гетерозиготністю у тварин англійської селекції, внаслідок переважної більшості гетерозиготних особин.

Для великої білої породи англійської селекції та української великої білої тип 1 визначено статистично достовірне відхилення частот генотипів від очікуваного згідно закону Харді-Вайнберга. Це може свідчити, що дана популяція не знаходиться в стані генетичної рівноваги та про залученість досліджуваних локусів до селекційного процесу. Для української великої білої внутріпородний тип 3 не було виявлено достовірного відхилення, що вказує на те, що дана популяція знаходиться в стані генетичної рівноваги.

Висновки. Проведено генотипування свиней великої білої породи та внутріпородних типів за локусами *FUT1* і *MUC4*, розраховані частот алелів і генотипів, рівень гетерозиготності та фіксаційний індекс, визначений значний рівень поліморфізму даних генів. Низька частота генотипу *FUT1*/АА (0,00– 0,202) свідчить про необхідність проведення інтенсивної селекції свиней на збільшення кількості особин в популяціях з даним генотипом. Результати досліджень показують можливість проведення ДНК – маркерної селекції з метою підвищення генетичної резистентності свиней до колібактеріозу за обома генами.

БІБЛІОГРАФІЯ

1. Глазко В.И. ДНК – технологии и биоинформатика в решении проблем биотехнологий млекопитающих / В.И. Глазко, Е.В. Шульга, Т.Н. Дымань [и др.] / Белая Церковь, 2001. – 488 с.

2. Журіна, Н.В., Ковальчук, М.А., Петрушко, І.С. Молекулярно-генетичний моніторинг стійкості свиней білоруської м'ясної породи до ешерихіозу / Науковий вісник НУБіП України. – Київ, 2010. – № 151. – С.84-89.

3. Коновал О. М. Дослідження поліморфізму свиней великої білої породи за генами господарсько корисних ознак / О.М. Коновал**,** С.О.Костенко, К. Білек, Ж.Філкукова. Наукові доповіді НАУ [електронний ресурс] // – К., 2008 –№1 (9) – 15 с. – режим доступу до журн.: http://www.nbuv.gov.ua/e-Journals/nd/2008-1/08komevt.pdf 11.

4. Коновал О.М. Молекулярно-генетичний аналіз генів,асоційованих із господарсько корисними ознаками свині свійської *(Sus Scrofa)/* О.М. Коновал, С.О. Костенко, В.Г. Спиридонов,С.Д. Мельничук // Вісн. Укр. товариства генетиків і селекціонерів. – 2008, том 6. – № 2.– С. 240-243.

5. Корінний С.М. Шерсть тварин, як зручний об'єкт виділення ДНК для аналізу за допомогою ПЛР / С.М. Корінний, К.Ф. Почерняєв, В.М. Балацький // Ветеринарна біотехнологія. – Київ, 2005. – №7. – С. 80-83.

6. Лобан Н., Каспирович Д., Чернов А. Эффективность использования гена *MUC4* в качестве маркера продуктивних качеств свиней белорусской крупной белой породы // Аграрная экономика. – Минск, 2011. – № 6. – С. 57-62.

7. Рудоман Г. С. Молекулярно-генетичний моніторинг стійкості свиней різних порід до ентеропатогенних штамів бактерії Escherichia coli // Свинарство. – Полтава, 2012, – Вип. 61.— С. 142–145.

8. Соколов Б.П., Джемелинский В.В. Выделение высокомолекулярной эукариотической ДНК с использованием ацетата калия / Б.П. Соколов, В.В. Джемелинский // Молекулярная генетика, микробиология и вирусология. – 1989. – № 6. – С. 45-46.

9. Сыровнев Г. И. Генеалогическая структура популяции свиней селекции Днепропетровского сельскохозяйственного института по полиморфным локусам FUT1 и MUC4 // Науково-технічний бюлетень ІТ НААН. – 2012. – №108. – С. 107-111.

10. Тітаренко О.В. Локалізація ентеробактерій роду Escherichia в організмі свиней // ВІСНИК Полтавської державної академії. – 2010 – №2. – С.111-113.

11. Шейко И.П., Лобан Н.А., Василюк О.Я. Разработка методов молекулярной генной диагностики и их использование в свиноводстве Беларуси // Весці Нацыянальнай акадэміі навук Беларусі. – 2005. – № 1. – С. 62-66.

12. Поліморфізм локусів FUT1 та MUC4 у популяції свиней української м'ясної породи селекції Дніпропетровського СГІ. Саєнко А.М., Балацький В.М., Сировнєв Г.І., Сметанін В.Т. // Свинарство. – Полтава, 2012, – Вип. 60.— С. 76–79.

13. Jorgensen. C., B. P. Porcine polymorphisms and methods for detectin gthem. Patent Application Publication.2006. US 2006/0275763.

14. Klukowska J. High frequency of M307[a] mutation at FUT1 locus, causing resistance to oedema disease, in an autochtonous polish pig breed, the zlotnicka spotted. // Klukowska J., Urbaniak B, Switonski M. / Anim. Breed. Genet. – 1999.– V.116 (6). – p. 519-524.

15. United States Patent № 6,596,923 B1 US, Methods and compositions to identify swine genetically resistant to F18 E. Coli associated diseases / Bosworth et al.; Date of Patent: Jul/ 22, 2003.

16. Vrtkova I.1, Matoušek V., Stehlik L., Šrubařova P., Offenbartel F., Kernelova N. Genomic markers important for health and reproductive traits in pigs // Research in pig breeding. – 2007. – № 2. – P. 4-6.

17. Wen-Bin Bao, Lan Ye, Zhang-Yuan Pan, Jin Zhu, Guo-Qiang Zhu, Xue-Gen Huang and Sheng-Long Wu Beneficial genotype of swine *FUT1* gene governing resistance to *E. coli* F18 is associated with important economic traits // Journal of Genetics. – 2011. – Vol. 90. – №. 2. – P. 315-318.

18. http://www.anu.edu.au/BoZo/GenAlEx/.

Рудоман Г.С., Балацкий В.Н. Генетическая структура свиней крупной белой породы украинской и английской селекции по генам *FUT1* и *MUC4*, которые ассоциированы с резистентностью животных к колибактериозу

Представлены результаты ДНК-типирования свиней крупной белой породы английской селекции и украинской крупной белой внутрипородных типов 1 и 3 по локусам FUT1 и MUC4, которые ассоциированы с устойчивостью животных к колибактериозу. Определено распределение частот аллелей и генотипов, уровень гетерозиготности и фиксационный индекс. По локусу гена FUT1 высокими уровнями прямой и ожидаемой гетерозиготности характеризуется украинская крупная белая тип I и крупная белая английской селекции. По локусу MUC4 самый высокий уровень прямой гетерозиготности наблюдался в популяции свиней крупная белая английской селекции. Анализ распространения разных генотипов гена FUT1 показал доминирование генотипа GA (0,320-0,560) среди исследуемых популяций. Анализ распространения генотипов по гену MUC4 свидетельствует о преобладании генотипов GG и GC во всех популяциях. Для крупной белой породы английской селекции и украинской крупной белой тип I найдено статистически достоверное отклонение частот генотипов от их ожидаемого распределения согласно закону Харди-Вайнберга. Имеющийся полиморфизм данных генов позволяет проводить маркерную селекцию с целью создания стад животных генетически резистентных к кишечной инфекции.

Ключевые слова: крупная белая порода, колибактериоз, резистентность, ДНК типирование, ген FUT1, ген MUC4, популяция.

H.S.Rudoman, V.N.Balatskyi. Genetic structure of pigs of the Large White breed of the Ukrainian and English selection for genes FUT1 and MUC4, associated with resistance of animals to colibacteriosis

The results of DNA typing of pigs of the Large White breed of English selection and the intra breed types of the Ukrainian Large White breed 1 and 3 for FUT1 locus and MUC4 locus which is associated with the resistance of animals to colibacteriosis are presented. It has been determined the allocation of frequencies of alleles and genotypes, a heterozygosis level and a fixation index. For locus of gene FUT1 high levels of direct and expected heterozygosity had Ukrainian Large White type I and the Large White of English selection. The analysis of distribution of different genotypes of gene FUT1 has shown domination of genotype GA (0,320-0,560) among investigated populations. On locus MUC4 the highest level of direct heterozygosity was observed in population of pigs the Large White of English selection. The analysis of distribution of genotypes on gene MUC4 testifies to prevalence of genotypes GG and GC in all populations. For the Large White breed of English selection and Ukrainian Large White type I statistically authentic deviation of frequencies of genotypes from their expected distribution is found agrees Hardy-Weinberg law. The presence polymorphism of these genes affords the possibility to perform a marker selection with the aim of the creating of genetically resistant herds of animal to intestinal infection.

Key words: the Large White breed, colibacteriosis, resistance, allele, gene FUT1, gene MUC4, fixation index.