

## ЗВ'ЯЗОК ПОЛІМОРФІЗМУ g.307 G > A SNP ГЕНУ АЛЬФА-ФУКОЗИЛТРАСФЕРАЗА 1 ІЗ ГОСПОДАРСЬКО-КОРИСНИМИ ОЗНАКАМИ СВИНЕЙ ВЕЛИКОЇ БІЛОЇ ПОРОДИ

Г. С. РУДОМАН, В. М. БАЛАЦЬКИЙ, В. Ю. НОР, В. О. ВОВК

*Інститут свинарства і агропромислового виробництва НААН (Полтава, Україна)*  
*rudoman.halyna@gmail.com*

Здійснена оцінка поліморфізму g.307 G > A SNP гену FUT1, що асоційований із резистентністю тварин до ентеропатогенних штамів бактерії *Escherichia coli* та із показниками продуктивності у свиней великої білої породи методом ПЛР-ПДРФ. Встановлені основні генетико-популяційні параметри стада за обраним локусом. Розподіл частот алелів показав домінування алелю G у даній вибірці. За результатом однофакторного дисперсійного аналізу виявлений вплив генотипів гену FUT1 (g.307 G > A SNP) на показники середньодобового приросту ( $p \leq 0,001$ ), віку досягнення живої маси 100 кг ( $p \leq 0,001$ ), товщини штику на рівні VI–VII хребців ( $p \leq 0,01$ ) та селекційного індексу відгодівельних якостей ( $p \leq 0,01$ ).

**Ключові слова:** ген FUT1, свині, велика біла порода, поліморфізм, колібактеріоз, показники продуктивності

## CONNECTION g.307 G > A SNP POLYMORPHISM OF THE ALPHA-FUKOZYLTRASFERAZA 1 GENE WITH ECONOMIC-USEFUL TRAITS IN THE LARGE WHITE PIG BREED

H. S. Rudoman, V. M. Balatsky, V. Y. Nor, V. O. Vovk

*Institute of Pig Breeding and Agroindustrial Production of NAAS (Poltava, Ukraine)*

The polymorphism g.307 G > A SNP of the FUT1 gene, is associated with animal resistance to enteropathogenic strains of *Escherichia coli* and with the productivity of a samples in Large White pig breed for DNA analysis PCR-RFLP method was used. The main genetic-population parameters of the herd at the selected locus are established. The allele frequency distribution showed the predominance of the allele G in studied samples. Based on the results of a one-way analysis of variance, a significant effect of the genotypes of the FUT1 gene (g.1849 G > C) on the indicator of the average daily weight gain ( $p \leq 0,001$ ), the thickness of the bacon at the level of the VI–VII vertebrae ( $p \leq 0,01$ ), reaching live weight of 100 kg ( $p \leq 0,001$ ) and breeding index of fattening qualities ( $p \leq 0,01$ ) was found.

**Keywords:** gene FUT1, pigs, Large White breed, polymorphism, colibacteriosis, indicators of productivity

## СВЯЗЬ ПОЛИМОРФИЗМА g.307 G > A ГЕНА АЛЬФА-ФУКОЗИЛТРАСФЕРАЗА 1 С ХОЗЯЙСТВЕННО-ПОЛЕЗНЫМИ ПРИЗНАКАМИ СВИНЕЙ КРУПНОЙ БЕЛОЙ ПОРОДЫ

Г. С. Рудоман, В. Н. Балацкий, В. Ю. Нор, В. А. Вовк

*Інститут свиноводства і агропромислового виробництва НААН (Полтава, Україна)*

Осуществлена оценка полиморфизма g.307 G > A SNP гена FUT1, ассоциированного с резистентностью животных к энтеропатогенным штаммам бактерии *Escherichia coli* и с показателями продуктивности у свиней крупной белой породы методом ПЦР-ПДРФ. Установлены основные генетико-популяционные параметры стада по выбранному локусу. Распределение частот аллелей показал доминирование аллеля G в данной выборке. По результатам однофакторного дисперсионного анализа выявлено влияние генотипов гена FUT1 (g.307 G > A SNP) на показатели среднесуточного привеса ( $p \leq 0,001$ ), возраста достиже-

ния живой массы 100 кг ( $p \leq 0,001$ ), толщины шпика на уровне VI–VII позвонков ( $p \leq 0,01$ ) и селекционного индекса откормочных качеств ( $p \leq 0,01$ ).

**Ключевые слова:** ген *FUT1*, свиньи, крупная белая порода, полиморфизм, колибактериоз, показатели продуктивности

**Вступ.** Одним із першочергових завдань на сучасному етапі розвитку свиначства залишається розробка комплексу заходів, спрямованих на підвищення резистентності тварин до різноманітних захворювань, особливо – до колибактеріозу. Дана 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 колибактеріозу в перші неділі після опоросу становить від 30 до 70% [1, 2]. При цьому завдаються значні збитки господарствам внаслідок недоотримання молодняка, відставання у рості і розвитку тварин та великих затрат на лікувально-профілактичні заходи.

Новим та перспективним підходом щодо профілактики колибактеріозу є застосування маркер-допоміжної селекції, яка ґрунтується на генотипуванні свиней за локусами геному, що асоційовані із сприйнятливістю тварин до цього захворювання, і відбору тварин з підвищеною резистентністю. За даними ряду досліджень до таких локусів належить ген б-фукозилтрансфераза 1 (*FUT1*).

Ген *FUT1* локалізований в хромосомі 6. В результаті його секвенування у свиней порід велика біла та шведський ландрас був виявлений одонуклеотидний поліморфізм (SNP, single nucleotide polymorphism) g.307 G > A. Алелі А і G гену *FUT1* асоційовані з адгезивними властивостями рецепторів кишечника і, відповідно, забезпечують стійкість або чутливість до захворювання. Алель А асоційований з резистентністю тварин до колибактеріозу, на відміну від алелю G [3, 4, 5].

За геном *FUT1* згідно результатів попередньо проведених досліджень у великій білій породі свиней частота «бажаного» алелю А коливається в межах 0,120–0,250 [6, 7]. Також подібні результати були одержані і для порід ландрас, дюрк, п'єтрен, гемпшир, естонська беконна, білоруська м'ясна [4, 8]. Серед популяцій деяких аборигенних порід Чехії та Польщі кількість тварин з бажаним генотипом АА значно вища у порівнянні з іншими. Наприклад, 35,5% поголів'я злотницької плямистої та 83,6% пржештицької чорно-рябої мають даний генотип [9, 10]. У Китаї серед популяцій місцевих порід а також у азіатського дикого кабана взагалі не знайдено заміни G→A у позиції 307 гену *FUT1* [5]. Згідно результатів ряду досліджень було встановлено позитивний вплив алелю А не тільки на резистентність свиней до колибактеріозу, а також і на показники відгодівельної та м'ясної продуктивності та на репродуктивні якості. Тварини з генотипом АА та АG 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 [5, 8]. Аналіз зв'язку поліморфних варіантів гену *FUT1* із показниками спермопродукції кнурів-плідників виявив, що тварини з генотипом АА мали нижчий відсоток вад еякуляту, вищу концентрацію спермій в еякуляті у порівнянні з кнурами із генотипами GG та АG [11].

Таким чином, поліморфізм локусу *FUT1* пов'язаний не тільки з чутливістю до колибактеріозу, але і з показниками продуктивності, а даний генетичний маркер може бути корисним для маркірування продуктивних якостей свиней.

В Україні популяційний аналіз g.307 G > A SNP гену *FUT1* дослідження проводилися фрагментарно на тваринах української м'ясної породи та великої білої, але без встановлення його асоціації із продуктивними ознаками свиней [6, 12].

Виходячи з вищенаведених даних, метою нашої роботи було вивчення генетичної структури вибірки свиней української великої білої породи, внутрішньпорідного типу 1 та встановлення асоціації SNP g.307 G > A гену *FUT1* із показниками продуктивності свиней.

**Матеріали та методи досліджень.** Дослідження проводилися на вибірці свиней великої білої породи (внутрішньопородний тип 1 – УВБ1) ДП ДГ «Степне» Полтавського р-ну Полтавської області (n = 96). Для проведення молекулярно-генетичних досліджень від піддослідних тварин були відібрані зразки біоматеріалу (шерсть з волосяними цибулинами). Для виділення геномної ДНК зі зразків була застосована йоннообмінна смола Chelex-100 [13]. Генотипування здійснювали методом ПЛР-ПДРФ згідно методик авторів [3]. Для полімеразної ланцюгової реакції використовували праймери наступної структури:

*FUT1* Forward: 5'- CCAACGCCTCCGATTCCTGT -3'

*FUT1* Reverse: 5'- GTGCATGGCAGGCTGGATGA -3'

Локус специфічна ампліфікація здійснювалась за стандартною схемою: в 0,5-мл пробірки Eppendorf вносили реакційну суміш (25 мкл) наступного складу: 2,5 мкл універсального 10x PCR буферу, 2,5 мкл 2 mM dNTP, 2 мкл 25 mM MgCl<sub>2</sub>, 1 мкл прямого F-праймеру (5 мкМ), 1 мкл зворотного R-праймеру (5 мкМ), 0,1 мкл (5 од. акт.) Tag - полімерази, 6,9 мкл деіонізованої води та зразок ДНК свині – до кінцевої концентрації в суміші (реактиви – Thermo Fisher Scientific, Литва). На готову ампліфікаційну суміш нашаровували 25 мкл мінеральної олії. Програма ампліфікації: 94<sup>0</sup>С – 5 хв.; 35 циклів: 94<sup>0</sup>С – 40 с, 60<sup>0</sup>С – 40 с, 72<sup>0</sup>С – 60 с, 72<sup>0</sup>С – 5 хв. ПЛР проводили в ампліфікаторі “Терцик-2” (ДНК–Технології, Росія). Синтезований у результаті ПЛР ДНК-продукт обробляли рестриктазою *HspAI* (Thermo Fisher Scientific, Литва), що зумовлювало появу фрагментів рестрикції, які відповідають наступним генотипам гена *FUT1*: AA – 161 п. н., GA – 161, 117, 44 п. н., GG: 117,44 п. н.

Відхилення розподілу генотипів від рівноваги за Гарді-Вайнбергом у дослідженій вибірці оцінювалося за використання критерію  $\chi^2$ ; частоти алелів, оцінку генних частот, визначення гетерозиготності обраховували за допомогою програми GenAlex 6.0 [14].

Тварини оцінювалися за наступними параметрами: вік досягнення живої маси 100 кг, товщина шпику, середньодобовий приріст – згідно стандартних методик [15].

Визначення ступеню кореляції окремих генотипів локусу *FUT1* з показниками продуктивності тварин проводили за допомогою однофакторного дисперсійного аналізу, обчисленого в середовищі Excel 2007 згідно відповідних методик [16].

Показник сили впливу конкретного локусу на кількісну ознаку розраховували за формулою:  $D^2 = C_x / C_y$ ,

де:  $C_x$  – факторіальна дисперсія;

$C_y$  – загальна дисперсія [17].

**Результати досліджень.** За результатами ДНК-аналізу свиней породи УВБ-1 за локусом *FUT1* визначена їх генетична структура. Генотипування SNP g.307 G > A дослідної групи тварин виявило обидва алеля. Однак, за частотою встановлено переважання алелю G (табл. 1).

#### 1. Генетико-популяційна характеристика свиней великої білої породи за геном *FUT1* (g.307 G > A)

Частоти					$\chi^2$	Ho	He	Fis	PIC
генотипів (фактична/очікувана)			алелів						
AA	GA	GG	A	G					
0,14/0,18	0,57/0,49	0,29/0,33	0,427	0,573	2,144	0,563	0,489	-0,149	0,367

**Примітка.** Ho – фактична гетерозиготність; He – очікувана гетерозиготність;  $\chi^2$  – відхилення між емпіричними та теоретичними частотами генотипів відносно закону Гарді – Вайнберга; PIC (polymorphic information content) – індекс поліморфного інформаційного вмісту локусу; Fis – індекс фіксації Райта.

Слід зазначити, що в даній субпопуляції розподіл частот генотипів статистично достовірно не відрізнявся від теоретично очікуваного, обчисленого згідно закону Гарді-Вайнберга. Отже, за локусом *FUT1* g.307 G > A досліджені породи знаходяться в стані, наближеному до генетичної рівноваги.

Негативне значення індексу фіксації Райта за локусом *FUT1* g.307 G > A свідчить про надлишок гетерозигот у популяції, а, отже, про відсутність цілеспрямованої селекції за даним маркером.

Обчислений індекс інформаційного вмісту поліморфізму PIC (Polymorphism Information Content) g.307 G > A SNP гену *FUT1*, згідно показника якого оцінюються оптимальні умови для проведення асоціативних досліджень. В проаналізованій вибірці за даним маркером рівень PIC має середнє значення (табл. 1) що вказує на високий рівень поліморфізму даного локусу і є сприятливим щодо можливості проведення пошуку зв'язку окремих генотипів та з показниками продуктивності. Оптимальні показники PIC, які забезпечують достатнє різноманіття генотипів для встановлення їх зв'язків з показниками продуктивності, знаходяться у межах від 0,25 до 0,75. Показники менше 0,25 і більше 0,75 рівня PIC не є бажаними для здійснення асоціативного аналізу оскільки у вибірках таких популяцій можуть бути відсутні тварини з певними генотипами.

Для встановлення асоціації SNP g.307 G > A гену *FUT1* з показниками продуктивності тварин був застосований однофакторний дисперсійний аналіз отриманих експериментальних даних, результати якого наведені у таблиці 2.

## 2. Асоціація генотипів локусу *FUT1* g.307 G > A з продуктивними показниками свиней

Показники продуктивності	<i>FUT1</i>			D <sup>2</sup> , %
	GG X ± Sx	AG X ± Sx	AA X ± Sx	
Вік досягнення живої маси 100 кг, дн.	209,10 ± 3,03	199,27 ± 2,3	177,42 ± 2,1	28,54***
Товщина шпику (на рівні X хребця), мм	18,77 ± 0,72	18,93 ± 0,55	21,3 ± 1,00	4,5
Товщина шпику (на рівні VI-VII хребців), мм	22,9 ± 0,85	23,45 ± 0,64	27,64 ± 1,16	10,4**
Товщина шпику (на крижах), мм	21,44 ± 1,1	21,89 ± 0,64	21,32 ± 1,04	0,3
Середньодобовий приріст, г.	477,94 ± 6,6	505,41 ± 5,77	564,66 ± 6,3	33,4***
Селекційний індекс відгодівельних якостей	102,31 ± 2,03	101,3 ± 1,55	92,04 ± 2,67	8,8**

**Примітка.** \*\*\* –  $p \leq 0,001$ , \*\* –  $p \leq 0,01$ , \* –  $p \leq 0,05$ , за критерієм достовірності Фішера, D<sup>2</sup> – показник сили впливу, • – в перерахунку на 100 кг.

Для субпопуляції свиней великої білої породи встановлена вірогідна асоціація генотипів за досліджуваним поліморфізмом локусу *FUT1* з наступними показниками: вік досягнення живої маси 100 кг ( $p \leq 0,001$ ), товщина шпику на рівні VI–VII хребців ( $p \leq 0,01$ ), середньодобовий приріст ( $p \leq 0,001$ ) та селекційний індекс відгодівельних якостей ( $p \leq 0,01$ ). Сила впливу гену на ознаки становила 28,54%, 10,4%, 33,4% та 8,8% відповідно.

За дослідженими показниками продуктивності, тварини з генотипом AA, що визначає резистентність до колібактеріозу [3], переважали носії генотипів GG та AG. Свині з генотипом AA мали менший вік досягнення живої маси 100 кг, на відміну від тварин з генотипами GG та AG (на 31,68 та 21,85 дн. відповідно). Подібна ситуація продемонстрована і для показника середньодобового приросту: тварини гомозиготні за алелем A характеризуються вищими показниками (на 86,7 г та 59,2 г) у порівнянні з гомозиготами GG та гетерозиготами AG. Найнижчі показники товщини шпику на рівні VI–VII грудних хребців мали свині, гомозиготні за алелем G (на 4,74 мм), в той час як найвищі його значення були у тварин з генотипом AA.

Не встановлено статистично достовірної асоціації генотипів із товщиною шпику на рівні крижів та десятого хребця у дослідженій вибірці.

Спираючись на результати власних досліджень та попередньо опубліковані дані прослідковується множинна дія гену *FUT1* за SNP 307G > A, який асоційований із показниками продуктивності свиней, що вкотре підтверджує полігенність кількісних ознак сільськогосподарських тварин.

**Висновки.** За результатами молекулярно-генетичних досліджень показаний середній рівень PIC (0,367) гену *FUT1* для вибірки свиней української великої білої породи, внутрішньопородного типу 1, що дозволило встановити асоціацію генотипів з показниками продуктивності тварин. Виявлений вірогідний зв'язок SNP 307G > A локусу *FUT1* з наступними параметрами: середньодобовий приріст, вік досягнення живої маси 100 кг, товщина шпику на рівні VI-VII хребців і селекційний індекс відгодівельних якостей. Необхідно зазначити, що для дослідженого поголів'я свиней господарсько-корисним у відношенні вищевказаних показників є алель A та, відповідно, генотип AA. Враховуючи високий рівень поліморфізму дослідженого гену та виявлені достовірні асоціації генотипів із показниками продуктивності, можна рекомендувати вести селекцію свиней з використанням генетичної інформації за g.307 G > A SNP гену *FUT1*.

### БІБЛІОГРАФІЯ

1. Аналіз епізоотичної ситуації інфекційних хвороб свиней в Україні / О. М. Якубчак, С. В. Обштат, В. М. Муковоз, М. С. Карпуленко, О. С. Гавриленко // Вісник Полтавської державної аграрної академії. – 2014. – № 3. – С. 82–85.
2. Васильєва, Т. Б. Моніторинг епізоотичної ситуації з колібактеріозу в Україні за період 2004–2015 рр. / Т. Б. Васильєва // Науковий вісник ЛНУВМБТ імені С. З. Гжицького. – 2016. – Т. 18 – № 2 (66). – С. 30–34.
3. 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.
4. Шейко, И. П. Разработка методов молекулярной генной диагностики и их использование в свиноводстве Беларуси / И. П. Шейко, Н. А. Лобан, О. Я. Василюк // Весці Нацыянальнай акадэміі навук Беларусі. – 2005. – № 1. – С. 62–66.
5. Beneficial genotype of swine FUT1 gene governing resistance to E. coli F18 is associated with important economic traits / Wen-Bin Bao, Lan Ye, Zhang-Yuan Pan, Jin Zhu, Guo-Qiang Zhu, Xue-Gen Huang and Sheng-Long Wu // Journal of Genetics. – 2011. – Vol. 90. – №. 2. – P. 315–318.
6. 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. – Т. 6. – № 2. – С. 240–243.
7. Рудоман, Г. С. Генетична структура свиней великої білої породи української та англійської селекції за генами FUT1 і MUC4 асоційованими з резистентністю тварин до колібактеріозу / Г. С. Рудоман, В. М. Балацький // Свинарство. Міжвідомчий тематичний науковий збірник. – Полтава, 2014. – № 65. – С. 154–161.
8. Журіна, Н. В. Молекулярно-генетичний моніторинг стійкості свиней білоруської м'ясної породи до ешерихіозу / Н. В. Журіна, М. А. Ковальчук, І. С. Петрушко // Науковий вісник НУБіП України. – Київ, 2010. – № 151. – С. 84–89.
9. Klukowska, J. High frequency of M307a mutation at FUT1 locus, causing resistance to oedema disease, in an autochthonous polish pig breed, the zlotnicka spotted / J. Klukowska, B. Urbaniak, M. Switonski // Anim. Breed. Genet. – 1999. – V. 116 (6). – P. 519–524.
10. Genomic markers important for health and reproductive traits in pigs / I. Vrtkova, V. Matoušek, L. Stehlik, P. Šrubařova, F. Offenbartel, N. Kernelova // Research in pig breeding. – 2007. – № 2. – P. 4–6.

11. Мониторинг генетической устойчивости пород свиней, разводимых в Беларуси к наследственным заболеваниям / Т. И. Епишко, М. А. Ковальчук, Н. В. Журина, О. А. Епишко // *Материалы Международной науч. конф., 3–6 декабря 2008 г. «Генетика и биотехнология XXI века. Фундаментальные и прикладные аспекты».* – Минск : Центр БГУ, 2008. – С. 183–185.
12. Поліморфізм локусів FUT1 та MUC4 у популяції свиней української м'ясної породи селекції Дніпропетровського СГІ / А. М. Сасенко, В. М. Балацький, Г. І. Сировнєв, В. Т. Сметанін // *Свинарство.* – Полтава, 2012. – № 60. – С. 76–79.
13. 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 технологія.* – 2005. – Бюл. № 7. – С. 80–83.
14. Peakall, R. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research / R. Peakall and P. E. Smouse // *Molecular Ecology Notes.* – 2006. – Vol. 6. – P. 288–295.
15. Інструкція з бонітування свиней; Інструкція з ведення племінного обліку у свинарстві. – К. : ППНВ, 2004. – 64 с.
16. Плохинский, Н. А. Руководство по биометрии для зоотехников / Н. А. Плохинский // М. : Колос, 1969. – 255 с.
17. Лакин, Г. Ф. Биометрия / Г. Ф. Лакин // М. : Высшая школа, 1990. – 352 с.

#### REFERENCES

1. Yakubchak, O. M., S. V. Obshtat, V. M. Mukovoz., M. S. Karpulenko, and O. S. Havrylenko. 2014. Analiz epizootychnoyi sytuatsiyi infektsiynykh khvorob svynev v Ukraini – Analysis of the epizootic situation of pigs infectious diseases in Ukraine *Visnyk Poltavs'koyi derzhavnoyi ahrarnoyi akademiyi – Bulletin of the Poltava State Agrarian Academy.* 3:82–85 (in Ukrainian).
2. Vasyl'yeva, T. B. 2016. Monitorynh epizootychnoyi sytuatsiyi z kolibakteriozu v Ukraini za period 2004–2015 rr. – Monitoring of epizootic situation with colibacteriosis in Ukraine for the period of 2004–2015. *Naukovyy visnyk LNUVMBT imeni S.Z. Gzhyts'koho – Scientific Messenger of Lviv National University of Veterinary Medicine and Biotechnologies.* 18,2(66):30–34 (in Ukrainian).
3. 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.
4. Shejko, I. P., N. A. Loban, and O. J. Vasiljuk. 2005. Razrabotka metodov molekulyarnoj gennoj diagnostiki i ih ispol'zovanie v svinovodstve Belarusi – Development of methods for molecular gene diagnostics and their use in pig production in Belarus. *Vesci Nacyjanal'naj akademii navuk Belarusi – Messenger of Belarus National Academy of Science.* 1:62–66.
5. Wen-Bin Bao, Lan Ye, Zhang-Yuan Pan, Jin Zhu, Guo-Qiang Zhu, Xue-Gen Huang, and Sheng-Long Wu. 2011. Beneficial genotype of swine FUT1 gene governing resistance to E. coli F18 is associated with important economic traits. *Journal of Genetics.* 90(2):315–318.
6. Konoval, O. M., S. O. Kostenko, V. H. Spyrydonov, and S. D. Mel'nychuk. 2008. Molekulyarno-henetychnyy analiz heniv, asotsiyovanykh iz hospodars'ko korysnymy oznakamy svyni sviys'koyi (Sus Scrofa) – Molecular genetic analysis of genes associated with economically useful traits in Domestic pigs (Sus Scrofa). *Visn. Ukr. tovarystva henetykiv i selektsioneriv – Journal of Society of geneticists and breeders.* 6(2):240–243 (in Ukrainian).
7. Rudoman, H. S., and V. M. Balats'kyy. 2014. Henetychna struktura svynev velykoyi biloyi porody ukrayins'koyi ta anhliys'koyi selektsiyi za henamy FUT1 i MUC4 asotsiyovanykh z rezystentnistyu tvaryn do kolibakteriozu – Genetic structure of pigs of large white breed of the Ukrainian and English selection for genes FUT1 and MUC4, associated with resistance of animals to colibacteriosis. *Svynarstvo. Mizhvidomchyy tematychnyy naukovyy zbirnyk – Pig Breeding.* 65:154–161 (in Ukrainian).

8. Zhurina, N. V., M. A. Koval'chuk, and I. S. Petrushko. 2010. Molekulyarno-henetychnyy monitorynh stiykosti svyney bilorus'koyi m"yasnoyi porody do esherykhiozu – Molecular genetic monitoring of the stability of pigs of the Belarusian meat breed to colibacillosis. *Naukovyy visnyk NUBiP Ukrayiny. – Scientific Messenger of National University of Life and Environmental Sciences of Ukraine*. 151:84–89 (in Ukrainian).
9. Klukowska, J., B. Urbaniak, and M. Switonski. 1999. High frequency of M307a mutation at FUT1 locus, causing resistance to oedema disease, in an autochthonous polish pig breed, the zlotnicka spotted. *Anim. Breed. Genet.* 116 (6):519–524.
10. Vrtkova, I., V. Matoušek, L. Stehlik, P. Šrubařova, F. Offenbartel, and N. Kernelova. 2007. Genomic markers important for health and reproductive traits in pigs. *Research in pig breeding*. 2:4–6.
11. Epishko, T. I., M. A. Koval'chuk, N. V. Zhurina, and O. A. Epishko. 2008. Monitoring geneticheskoy ustojchivosti porod svinej razvodimyh v Belarusi k nasledstvennym zabojevanijam: *materialy Mezhdunarodnoj nauch. konf, 3–6 dekabrya 2008 g. «Genetika i biotekhnologija XXI veka. Fundamental'nye i prikladnye aspekty»*. Minsk: Centr BGU – *Materials of the international scientific conference « Genetics and biotechnology of the XXI century»*. Minsk : Centre BSU. 183–185.
12. Sayenko, A. M., V. M. Balats'kyy, H. I. Syrovnyev, and V. T. Smetanin. Polimorfizm lokusiv FUT1 ta MUC4 u populyatsiyi svyney ukrayins'koyi m"yasnoyi porody selektsiyi Dnipropetrovs'koho SHI – Polymorphisms in locis FUT1 and MUC4 in the population of Ukrainian Meety breed under selection of Dnipropetrovsk Agrarian Institute. *Svynarstvo. – Pig Breeding*. 60:76–79 (in Ukrainian).
13. Korinnyy, S. M., K. F. Pochernyayev, and V. M. Balats'kyy. 2005. Sherst' tvaryn yak zruchnyy ob"yekt vydilennya DNK dlya analizu za dopomohoyu PLR – Animal wool is a convenient object for DNA analysis for PCR analysis *Veterynarna tekhnolohiya – Veterinary technology*. 7:80–83 (in Ukrainian).
14. Peakall, R., and P. E. Smouse. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. 2006. *Molecular Ecology Notes*. 6:288–295.
15. 2004. *Instruktsiya z bonituvannya svyney; Instruktsiya z vedennya pleminnoho obliku u svynarstvi – Instructions for boning pigs; Instruction on keeping breeding records in pig breeding.* Kyiv. PPNV, 64. (in Ukrainian).
16. Plokhynskyy, N. A. 1969. *Rukovodstvo po byometryy dlya zootekhnykov – Biometrics guide for livestock breeders*. Moscow, 255.
17. Lakin, G. F. 1990. *Biometrija – Biometrics*. Moscow, Vysshaja shkola, 352.



УДК 636.2.034.082.1:[575.224.4:576.316]

## СТАБІЛЬНІСТЬ КАРІОТИПУ КОРІВ ЧЕРВОНОЇ ПОЛЬСЬКОЇ ПОРОДИ ДО ДІЇ ПАРАТИПОВОГО ЧИННИКА

**Л. Ф. СТАРОДУБ**

*Інститут розведення і генетики тварин НААН імені М.В.Зубця (Чубинське, Україна)*  
[starodublf@gmail.com](mailto:starodublf@gmail.com)

*Проведено порівняльний аналіз мінливості каріотипу корів червоної польської та української червоно-рябої молочної порід до дії паратипового чинника – сірководню у воді. Встановлено підвищення цитогенетичних параметрів лімфоцитів периферійної крові (двоядерні*