

## СУЧАСНІ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧНІ ПІДХОДИ ДЛЯ ПІДВИЩЕННЯ ЕФЕКТИВНОСТІ СЕЛЕКЦІЙНОГО ПРОЦЕСУ В ТВАРИННИЦТВІ УКРАЇНИ

**О. І. МЕТЛИЦЬКА, К. В. КОПИЛОВ, О. В. БЕРЕЗОВСЬКИЙ**

*Институт розведення і генетики тварин імені М.В.Зубця НААН (с. Чубинське, Україна)*  
[ol11111bz@gmail.com](mailto:ol11111bz@gmail.com)

*З метою реформування сільського господарства, згідно сучасних потреб ринку, нагальною необхідністю є розробка і впровадження нових методів удосконалення продуктивних якостей сільськогосподарських тварин. Тому сьогодні перспективою вітчизняної селекції є підвищення продуктивності і рентабельності сільськогосподарського виробництва, отримання якісної та конкурентоспроможної продукції, що стає можливим лише за умов активного впровадження у виробництво наукових досягнень в галузі молекулярної біології, генетики та репродуктивних технологій.*

**Ключові слова:** тваринництво, молекулярно-генетичні методи, MAS-селекція, імуногенетичні маркери, генетичні аномалії, ISSR-типсування

### MODERN MOLECULAR-GENETIC APPROACH TO INCREASE EFFICIENCY OF SELECTION PROCESS IN ANIMAL BREEDING OF UKRAINE

**O. I. Metlytska, K. V. Kopylov, A. V. Berezovsky**

*Institute of Animal Breeding and Genetics nd. a. M.V.Zubets of NAAS (Chubynske, Ukraine)*

*In order to reform agriculture, according to current market needs, the urgent need is the development and introduction of new methods of improving the productive qualities of farm animals. So, today the prospect of domestic breeding is to increase the productivity and profitability of agricultural production to quality and competitive products, which is possible only with the active implementation in production of scientific advances in molecular biology, genetics and reproductive technologies.*

**Keywords:** animal breeding, molecular genetic methods, MAS-selection, immunogenetic markers, genetic abnormalities, ISSR-typing

### СОВРЕМЕННЫЕ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ПОДХОДЫ ДЛЯ ПОВЫШЕНИЯ ЭФЕКТИВНОСТИ СЕЛЕКЦИОННОГО ПРОЦЕССА В ЖИВОТНОВОДСТВЕ УКРАИНЫ

**О. И. Метлицкая, К. В. Копылов, О. В. Березовский**

*Институт разведения и генетики животных имени М.В.Зубця НААН (с. Чубинское, Украина)*

*С целью реформирования сельского хозяйства, согласно современным потребностям рынка, насущной необходимостью является разработка и внедрение новых методов совершенствования продуктивных качеств сельскохозяйственных животных. Поэтому сегодня перспективой отечественной селекции является повышение производительности и рентабельности сельскохозяйственного производства, получения качественной и конкурентоспособной продукции становится возможным лишь при условии активного внедрения в производство научных достижений в области молекулярной биологии, генетики и репродуктивных технологий.*

*Ключевые слова:* **животноводство, молекулярно-генетические методы, MAS-селекция, иммуногенетические маркеры, генетические аномалии, ISSR-типирование**

**Вступ.** Оцінка геному сільськогосподарських тварин на предмет виявлення генних комплексів, що зумовлюють прояв бажаної для селекції кількісної ознаки неможлива без знання його тонкої молекулярної структури, а також особливостей «роботи» цієї складної системи – взаємодії генів на рівні їх білкових продуктів, регуляції генної активності тощо. На вирішення таких складних питань були спрямовані зусилля провідних науковців світу, які працювали в рамках картування і сиквенування геномів найбільш економічно важливих видів сільськогосподарських тварин – «розшифрування» геному деяких порід собак була закінчена в 2003 році, структура геному великої рогатої худоби, свиней, кролів, коней та індиків була визначена лише в 2009 році, а про завершення міжнародної програми «Геном бджоли медоносною» повідомлення з'явилися лише у 2010 році.

У провідних країнах світу, завдяки використанню молекулярно-генетичних методів і математичного моделювання стало можливим впровадження у практику провідних сільськогосподарських підприємств маркер-асоційованої селекції (MAS-селекції). Методи MAS-селекції зараз широко застосовуються у країнах з розвинутим тваринництвом: Голландії, США, Німеччині, Франції, Бельгії, Австрії, Італії, а багаторівнева система молекулярно-генетичної сертифікації тварин є обов'язковим елементом селекційно-плеємної роботи. Відповідно до міжнародних вимог, рекомендацій ISAG/FAO, ICAR та інших нормативних документів у тому числі закону «Про плеємну справу у тваринництві» з метою забезпечення контролю генетичної якості плеємних (генетичних) ресурсів при відтворенні, експорті, імпорті, підвищенні економічної ефективності галузі в Україні існує необхідність у розробленні та широкому впровадженні системи молекулярно-генетичної ідентифікації тварин, поліпшення їх генетичного потенціалу, «впровадження у виробництво науково-технічних досягнень з питань генетики, селекції і відтворення тварин».

Ідентифікація генів та їхніх мутацій, які визначають напрям і ступінь розвитку кількісної ознаки (наприклад, величини надою, середньодобових приростів тварин на відгодівлі, вмісту жиру і білка в молоці, тощо) у країнах з розвиненим тваринництвом забезпечує отримання суттєвих прибутків завдяки швидкому досягненню генетичного прогресу, основними складовими якого є інтенсивність селекції, її точність і скорочення генераційного інтервалу.

Які генетичні комплекси можуть представляти інтерес для селекціонера? Перш за все, ті, які спричинюють прояв ознак з низьким коефіцієнтом успадкування (переважно відтворні якості), незначною частотою в певній породі (стаді), важко піддаються зажиттєвому вимірюванню (наприклад, якість м'яса чи товщина шпику у свиней) та зумовлюють резистентність до захворювань.

Стрімкий генезис методів молекулярно-генетичного аналізу геномів сільськогосподарських тварин не дарма отримав назву «ДНК-революції», кількість методичних підходів і розробок у цій галузі величезна, тому вважаємо за доречне обмежитися розробками провідного наукового центру України з вирішення цих важливих питань – Інституту розведення і генетики тварин ім. М.В.Зубця НААН.

Головною запорукою успішного ведення селекційно-плеємної роботи безперечно є налагоджена система плеємного зоотехнічного обліку. Проте видові особливості застосування систем мічення, таврування тварин (які на переважній кількості виробництв залишають бажати кращого) призводять до помилкових записів їх походження. Насамперед, за даними вітчизняних вчених (С. М. Корінний, 2010) помилки у родоводах деяких плеємних господарств складають від 10 до 30%. Не найкраща картина відбувається і у господарствах з розведення великої рогатої худоби м'ясного напрямку продуктивності, оскільки природне парування найчастіше не надає можливості визначити біологічного батька народженого теляти. Ця проблема може бути вирішена шляхом генетичних експертиз походження із застосуванням імуногенетичних маркерів або груп крові тварин. Відзначимо, що у нашій

країні запровадження системи комплексного моніторингу великої рогатої худоби за імуногенетичними маркерами започатковано в Інституті тваринництва під методологічним керівництвом Ф. Ф. Ейснера ще на початку 70-х років, але до цього часу не втратило своєї актуальності [1]. Підтвердження/виключення батьківства у цей спосіб може бути проведене із вірогідністю 99,9%, а отримана генетична інформація за усім поголів'ям худоби певного стада може бути використана для оцінки ступеня його генетичної консолідованості, оцінки дійсного рівня інбредності тварин на рівні генотипу, визначення перспективних продовжувачів генеалогічних ліній та родин або створення заводських з певними генетичними задатками тощо.

Аналогічну функцію виконують так звані мікросателітні маркери ДНК. Ідентифікацію особин, породну належність, їх походження визначають за спектром мікросателітних локусів ДНК, затверджених міжнародними організаціями ISAG, ICAR і генотип тварини, визначений у такий спосіб, є її «біометричним паспортом», що набуває особливої актуальності при імпорті-експорті племінних тварин, адже отримана у цей спосіб генетична інформація є стандартною, уніфікованою і може бути підтверджена у будь-якій сертифікованій лабораторії генетичного контролю за наявності відповідного обладнання (секвенатора). Єдиним недоліком цього методу є його висока вартість.

**Тестування великої рогатої худоби за генами кількісних ознак.** Основним напрямком діяльності науковців інституту є розробки, що допомагають вирішувати важливу проблему державного рівня – збереження наявного генофонду вітчизняних порід та вдосконалення традиційних методів селекції, які б дали змогу суттєво підвищити продуктивність цих порід. У цьому сенсі, розробки генетичних систем тестування великої рогатої худоби за «головними» генами кількісних ознак, що беруть участь у формуванні якісних показників молочної та м'ясної продуктивності (k-Cn,  $\beta$ LG, GH, TG5, CAPN1 530, MSTN), показали унікальність вітчизняних порід та високу частоту генотипів, бажаних для селекції, спрямованої на підвищення якості молочної і м'ясної продукції [2, 3]. Наприклад, за геном k-Cn (капа-казеїну) можна визначити у стаді тварин із генотипами, що зумовлюють наявність у молоці білка із бажаними для сироваріння властивостями, а відбір тварин за певними генотипами  $\beta$ LG, GH, TG5 не тільки допоможе інтенсифікувати селекцію у напрямку збільшення надоїв, але і дозволить збільшити його жирність. Певна мутація, ідентифікована у гені CAPN1 530 (калпаїн) буде забезпечувати у її носія – представника м'ясної породи великої рогатої худоби, виражену мармуровість м'язової тканини, а особина із порушеннями в гені MSTN (міостатин) буде мати «подвійну», гіпертрофовану структуру м'язів [4, 5]. До речі, зручність для вирішення практичних питань виробництва молекулярно-генетичних маркерів полягає у тому, що для досліджень може бути використаний будь-який генетичний матеріал (кров, вищипи вух при міченні тварин, букальні зшкребки слизових оболонок, сеча, гній, сперма, шерсть із волосяними цибулинами і навіть декілька клітин ембріонів тощо) у будь-якому віці тварини. Цінність цієї інформації полягає у надранній оцінці генотипу тварини, тобто її генетичного потенціалу одразу після народження.

**Визначення генних аномалій в сільськогосподарських тварин.** Використання схрещування різних місцевих популяцій сільськогосподарських тварин з імпортованими сприяло підвищенню генетичного потенціалу продуктивності численних популяцій тварин у надзвичайно короткий термін, а широкомасштабне ведення штучного осіменіння створило умови для програмованої передачі господарськи корисних генів від батьків потомкам. Однак наразі, внаслідок проведення інтенсивної селекції і породоутворення, накопичений резерв мінливості зменшується, що не може не впливати на стратегічні можливості селекційної роботи. Іntenсивні процеси голштинізації та використання обмеженої кількості плідників провідних ліній цієї породи за помірного інбридингу і обмеження ефективної чисельності популяцій призвело до накопичення в стадах місцевих порід «генетичного вантажу» – мутантних варіантів генів із летальними і напівлетальними ефектами.

Визначення прихованих генних аномалій великої рогатої худоби (BLAD – дефіцит адгезії лейкоцитів; SVM – комплексна хребетна потворність, DUMPS – дефіцит ферменту уридинмонофосфатсинтетази) шляхом проведення ДНК-діагностики проводиться з метою запобігання накопичення генетичного вантажу та репродуктивних втрат. Переважна кількість спонтанних абортів і причина ранньої загибелі телят із вадами розвитку викликана генними мутаціями, що фенотипово проявляються лише у тому випадку, коли носіями мутантних алелів є обидва батьки потомка. Виявлення тварин гетерозиготного генотипу, тобто носіїв прихованої аномалії, можливе лише за використання запропонованої ДНК-технології. Висока швидкість накопичення генетичного вантажу в популяціях молочної худоби вітчизняних порід спричинена використанням плідників провідних ліній голштинської породи. За даними численних зарубіжних публікацій, носіями шкідливої мутації BLAD (носії обох дефектних генів гинуть у ранньому віці через розвинення імунodefіциту від бактеріальних інфекцій) є від 3% поголів'я голштинізованої худоби у Бразилії до 14% у Голандії, в тому числі в Україні, на теперішній час, кількість тварин-носіїв цієї генетичної аномалії перевищує 8%. Відмітимо, що джерелом розповсюдження цього спадкового захворювання по всьому світі були лише два видатних бугаї та їх потомки – Осборндейл Айвенго 1189879 і Карлін М. Айвенго Бел 1667366. SVM – найбільш поширена спадкова хвороба у великої рогатої худоби із вираженим летальним ефектом. Ознаки хворих телят: деформація хребців, загальна недорозвиненість, сколіоз, деформація суглобів передніх і задніх кінцівок, пороки серця. Джерелом розповсюдження є бугай голштинської породи – Стар Пенстейт Іванхой US1441440, що є батьком плідника Карліна М. Айвенго Белла 1667366. Частота цієї мутації у великої рогатої худоби Франції перевищує 40%, а завдяки широкому моніторингу розповсюдження цієї аномалії, нашим турецьким колегам вдалося знизити цей показник до 3% [6].

Існує дві стратегії боротьби із шкідливими наслідками прояву генетичних аномалій – широкий моніторинг і повне вилучення із селекційного процесу її носіїв за одну генерацію (як це відбувається у свинарстві з носіями гену стрес чутливості RYR-1), або корекція плану парувань з урахуванням генотипу тварин за дефектними генами. Для чого такі складнощі? Все достатньо просто. Американські вчені довели, що у високопродуктивних тварин утворюються стабільні коадаптовані генні комплекси, тобто у генну мережу, що забезпечує прояв високих надойв входять мутантні алелі генів вищевказаних спадкових захворювань. Таким чином, носіїв генетичних аномалій вибраковувати із стад недоцільно, адже це може привести до зниження продуктивності, лише необхідно не допускати парувань тварин, що обидві мають по одній копії дефектного гену.

**Використання цитогенетичного аналізу для оцінки племінних тварин.** Ще одним видом тестувань племінних тварин, що є обов'язковим, згідно Закону про «Племінну справу у тваринництві» є цитогенетичний аналіз. У селекційно-племінній роботі важливо не тільки використовувати методи оцінки генетичного потенціалу тварин за ознаками продуктивності та наявністю спадкових захворювань, що зумовлені мутаціями в окремих генах. Потрібно також враховувати рівень чутливості генетичного апарату тварин до різних мутагенних чинників навколишнього середовища, що дає можливість відібрати тварин з метою підвищення генетичної стійкості їх потомства і створення генетично стабільних популяцій в окремих господарствах, що дасть змогу значно знизити ймовірність хромосомних або генних перебудов серед тварин. На сьогодні провідним і практично єдиним методом вивчення мутабільності геному у тварин є цитогенетичний аналіз, з огляду на це, даний метод є необхідною складовою вивчення генофонду порід сільськогосподарських тварин. Визначення хромосомних порушень у молодих бугайців і телиць проводиться для своєчасного виявлення плідників із зниженою репродуктивною здатністю та імунною відповіддю. Залежно від виявлених хромосомних аберацій та геномних перебудов система цитогенетичного контролю забезпечує своєчасне виявлення тварин із порушеннями сперматогенезу і ооцитогенезу, зниженою запліднюючою здатністю, функціональними порушеннями та схильністю до вірусних інфекцій і онкологічних захворювань [7, 8].

**Напрямки застосування ISSR-маркерів.** До надійних способів оцінки генетико-популяційної ситуації, генетичних відмінностей на внутривидовому, міжвидовому та індивідуальному рівні відноситься метод ISSR-PCR. З його допомогою впроваджуються ефективні критерії визначення ступеня впливу мутагенних факторів навколишнього середовища та селекційних чинників на структуру досліджуваних вибірок, застосовується як інструмент пошуку генетичних локусів, пов'язаних із проявом бажаної кількісної ознаки. Цей підхід відноситься до так званих методів «геномного сканування» і дозволяє отримати «геномний фінгерпринт» особини – спектр фрагментів ДНК, що за своєю унікальністю та інформативністю у кожної тварини схожий на «відбитки пальців» у людини. Метод відносно дешевий, призначений для малобюджетних лабораторій, не вимагає знання повної генетичної карти досліджуваного об'єкту, проте дозволяє вирішувати ряд важливих завдань сільськогосподарської генетики.

Використовується ISSR-типування для оптимізації селекційного процесу у малочисельних породах сільськогосподарських тварин, як спосіб прогнозування оптимальних варіантів індивідуального підбору та збереження генетичної різноманітності зникаючих порід тварин різних видів. Ця розробка призначена для застосування, насамперед, у свинарстві для отримання гетерозисного потомства з високим потенціалом відгодівельних і м'ясних якостей. Рекомендована до використання у програмах із збереження малочисельних і зникаючих порід свиней, а також як надійний інструмент прогнозування оптимальних міжпородних поєднань. Суть полягає у визначенні комплексного генотипу тварин за більш ніж 40 локусами геному одночасно з наступним розрахунком генетичної схожості та проведенням оптимального підбору батьківських пар. Прогнозування оптимальних міжпородних поєднань свиней в схемах гібридизації також рекомендовано проводити на основі результатів молекулярно-генетичної характеристики батьківських пар за ISSR маркерами при умові добору генетично консолідованих кнурів з більш низьким, порівняно з свиноматками, рівнем гетерозиготності. Підбір батьківських пар за рівнем генетичної схожості 0,47–0,50 забезпечує підвищення середньодобових приростів отриманого молодняка на відгодівлі на 10% та конверсії корму на 19%. Гетерогенний підбір за рівнем генетичної схожості 0,40 та 0,30 забезпечує підвищення великоплідності свиноматок на 22%, порівняно із сім'ями від гомогенних варіантів підбору. В скотарстві ISSR аналіз може бути використаний для оцінки ступеня генетичної різноманітності окремих стад і порід, проведення лінійної диференціації і консолідації генеалогічних структур породи, контролю і регуляції процесів породотворення, встановлення ступеня чистопородності тварин, що є особливо важливою умовою при закладенні генеративного матеріалу від видатних представників аборигенних і зникаючих порід у Банк генетичних ресурсів тварин ІРГТ ім. М.В.Зубця НААН, що визнаний національним надбанням нашої держави.

**ISSR-типування в бджільництві.** Науковцями ІРГТ ім. М.В.Зубця НААН, Інституту свинарства і АПВ НААН спільно із провідними спеціалістами кафедри бджільництва Національного університету біоресурсів і природокористування під керівництвом професора В. П. Поліщука в 2006 році було розпочато роботу з дослідження аборигенних порід бджіл України на генетичному рівні. За результатами тривалого молекулярно-генетичного моніторингу із застосуванням власно створених систем інформативних ДНК маркерів у технологіях ISSR, RAPD було отримано підтвердження наявності селекційного досягнення у бджільництві – створенні внутрішньопородного типу «Хмельницький» української степової породи із побудовою унікального генетичного паспорту. Визначені основні генетичні критерії чистопородності бджіл трьох порід – української, карпатської і сірої гірської кавказької, таким чином ступінь чистопородності бджіл може бути визначений досить точно на основі морфометричних і молекулярно-генетичних показників. За використання праймеру ISSR-S4 вдалося ідентифікувати фрагмент геному бджіл української породи розміром 950 п.н., що вірогідно асоційований із проявом медової продуктивності, дослідження у цьому напрямку тривають.

Проведення ДНК-паспортизації бджіл з визначення чистопородних бджолиних сімей української степової і карпатської порід є необхідною складовою племінної роботи у бджільництві для попередження і усунення наслідків небажаної міжпородної метизації, лінійної консолідації, підвищення ознак медової продуктивності. Визначення сімей з ознаками міжпородної гібридизації та своєчасне їх вилучення із селекційного процесу сприяє прискоренню селекційного прогресу у бджільництві, забезпечує збереження ознак адаптивності аборигенних порід бджіл до специфічних умов зимівлі та використання наявної кормової бази, їх стійкість до інфекційних та паразитарних захворювань [9, 10].

У результаті тривалих комплексних досліджень з генетики бджоли медоносною у 2014 році сформовані і затверджені Міністерством аграрної політики та продовольства України «Методичні рекомендації з морфо-генетичної оцінки бджіл української породи».

Не зважаючи на скрутне економічне становище, суттєве зниження обсягів фінансування наукового забезпечення, скорочення наукових кадрів, низький технологічний рівень наявного обладнання, робота у напрямку розробки ефективних технологій для потреб аграрного сектору продовжується.

Проводяться унікальні дослідження особливостей генетичної структури головного комплексу гістосумісності великої рогатої худоби і свиней для виявлення тварин із кращою спадковістю за відтворними здатностями і стійкістю до інфекційних захворювань. Молоді аспіранти, ентузіасти своєї справи, проводять дослідження генетичної складової статевої поведінки тварин і намагаються дослідити унікальний природний механізм, що не допускає повного виродження малочисельних порід і видів. Подальше дослідження захисної та гігієнічної поведінки бджіл, яке наразі проводиться, надасть можливість вдосконалити селекційну роботу у бджільництві з отриманням екологічно чистої продукції, яка є предметом експорту і отримання суттєвих валютних надходжень до бюджету держави.

Тваринництво України, в цілому, є найбільш важливою складовою соціально-економічного розвитку і продовольчої безпеки, оскільки є виробником необхідної і біологічно важливої продукції у раціоні харчування людини. Безперечно, що прогресивний розвиток агропромислового комплексу, який визначає експортний потенціал, рівень життя і достатку громадян України, неможливий без розвитку сучасних технологій і відповідного наукового забезпечення.

## БІБЛІОГРАФІЯ

1. Методические рекомендации по использованию наследственного полиморфизма в племенной работе и селекционно-генетических исследованиях с крупным рогатым скотом и свиньями на Украине. / Ф. П. Ворон; ответ. за вып. Ф. Ф. Эйсер. – Х. : Укр. НИИ животноводства Лесостепи и Полесья, 1975 – 87 с.

2. Методологія оцінки генотипу тварин за молекулярно-генетичними маркерами в тваринництві України. / К. В. Копилов [та ін.] / за наук. ред. акад. НААН М. В. Гладія. – К. : Аграр. наука, 2014. – 212 с.

3. Копилов, К. В. Поліморфізм генів асоційованих з господарсько корисними ознаками (QTL) у різних порід великої рогатої худоби / К. В. Копилов // Вісник Українського товариства генетиків і селекціонерів. – 2010. – Т.8, №2. – С. 223 – 228.

4. Зв'язок поліморфізму за генами к-CN, TG5, LEP з молочною продуктивністю корів українських молочних порід / О. В. Березовський, Ю. П. Полупан, С. Ю. Рубан, К. В. Копилов // Розведення і генетика тварин : міжвід. темат. наук. зб. – К.: Аграр. наука, 2015. – Вип. 49. – С. 154–164.

5. Визначення генотипу тварин за генами калпаїну, тиреоглобуліну та міостатину у тварин м'ясних порід великої рогатої худоби: метод. рек. / М. І. Башенко [та ін.] – К., 2011. – 32 с.

6. Визначення генетичних аномалій у великої рогатої худоби: метод. рек. / М. І. Башенко [та ін.] / Інститут розведення і генетики тварин. – Чубинське, 2011. – 32 с.

7. Стародуб, Л. Ф. Цитогенетичні дослідження в скотарстві України: досягнення і перспективи / Л. Ф. Стародуб // Розведення і генетика тварин: – міжвід. темат. наук. зб. – К., 2012. – Вип. 46. – С. 257–260.

8. Стародуб, Л. Хромосомна нестабільність і порушення відтворної функції плідників великої рогатої худоби / Л. Стародуб, С. Костенко // Збірник наукових праць Вінницького національного аграрного університету. – Вінниця, 2011. – №10 (50). – С.125–130.

9. Метлицька, О. І. Генетичні критерії чистопородності бджіл української породи / О. І. Метлицька, В. П. Поліщук, І. І. Головецький // Український пасічник. – 2012. – № 5. – С. 37–40.

10. Метлицька, О. І. ДНК-паспортизація порід бджіл України в системі збереження і вдосконалення їх генотипу / О. І. Метлицька, С. І. Ковтун, М. Д. Палькіна // Вісник аграрної науки. – 2015. – № 7. – С. 39–43.

## REFERENCES

1. Voron, F. P. 1975. Metodicheskie rekomendatsii po ispol'zovaniyu nasledstvennogo polimorfizma v plemennoy rabote i selektsionno-geneticheskikh issledovaniyakh s krupnym rogatym skotom i svin'yami na Ukraine – *Guidelines on the use of ancestral polymorphisms in breeding and breeding and genetic studies with cattle and pigs in the Ukraine*. za vyp. F.F. Jejsner. Har'kov, Ukr. NII Lesostepi i Poles'ya, 87 (in Russian).

2. Kopylov, K. V., O. M. Zhukors'kyu, K. V. Kopylova, O. I. Metlyts'ka, Yu. V. Vdovychenko, V. M. Balats'kyu, M. H. Porkhun, A. V. Shel'ov, Ye. A. Shevchenko, and N. B. Pysarenko. 2014. *Metodolohiya otsinky henotypu tvaryn za molekulyarno-henetychnymi markeramy v tvarynnyts'vi Ukrayiny – Methodology genotype animals by molecular genetic markers in livestock Ukraine*. za nauk. red. akad. NAAN M. V. Hladiya. Kyiv, Ahrar. nauka, 212 (in Ukrainian).

3. Kopylov, K. V. 2010. Polimorfizm heniv asotsiyovanykh z hospodars'ko korysnymy oznakamy (QTL) u riznykh porid velykoyi rohatoyi khudoby – Polymorphisms of genes associated with economically useful traits (QTL) in different breeds of cattle. *Visnyk Ukrayins'koho tovarystva henetykiv i selektsioneriv – Bulletin of the Ukrainian Society of Geneticists and Breeders*. 8(2):223–228 (in Ukrainian).

4. Berezovs'kyu, O. V., Yu. P. Polupan, S. Yu. Ruban, and K. V. Kopylov. 2015. Zv'yazok polimorfizmu za henamy κ-CN, TG5, LEP z molochnoyu produktyvnistyu koriv ukrayins'kykh molochnykh porid – How polymorphisms of genes for the κ-CN, TG5, LEP milk production of cows Ukrainian dairy breeds. *Rozvedennya i henetyka tvaryn – Animal Breeding and Genetics: mizhvid. tem. nauk. zb.* Kyiv, Ahrar. nauka. 49:154–164 (in Ukrainian).

5. Bashchenko, M. I., K. V. Kopylova, and M. L. Dobryans'ka. 2011. *Vyznachennya henotypu tvaryn za henamy kalpayinu, tyreoglobulinu ta miostatynu u tvaryn m'yasnykh porid velykoyi rohatoyi khudoby: metod. rek. – Determination of genotype of animals in kalpain, thyroglobulin and miostatin genes in animal meat breeds of cattle: method. rec.* Kyiv, 32 (in Ukrainian).

6. Bashchenko, M. I., K. V. Kopylov, M. L. Dobryans'ka, L. F. Starodub, Yu. V. Podoba, and K. V. Kopylova. 2011. *Vyznachennya henetychnykh anomalii u velykoyi rohatoyi khudoby: metod. rek. – Determining genetic abnormalities in cattle: method. rec.* Instytut rozvedennya i henetyky tvaryn. Chubyns'ke, 32 (in Ukrainian).

7. Starodub, L. F. 2012. Tsytohenetychni doslidzhennya v skotarstvi Ukrayiny: dosyahnennya i perspektyvy – Cytogenetic studies in livestock Ukraine: achievements and prospects. *Rozvedennya i henetyka tvaryn – Animal Breeding and Genetics: mizhvid. tem. nauk. zb.* Kyiv, 46:257–260 (in Ukrainian).

8. Starodub, L., and S. Kostenko. 2011. Khromosomna nestabil'nist' i porushennya vidtvornoyi funktsiyi plidnykiv velykoyi rohatoyi khudoby – Chromosomal instability and violations of reproductive function of sires in cattle. *Zbirnyk naukovykh prats' Vinnyts'koho natsional'noho ahrarnoho universytetu – Scientific works of the Vinnytsia National Agrarian University*. Vinnytsya, 10 (50):125–130 (in Ukrainian).

9. Metlyts'ka, O. I., V. P. Polishchuk, and I. I. Holovets'kyu. 2012. Henetychni kryteriyi chystoporodnosti bdzhil ukrayins'koyi porody – Genetic criteria chystoporodnosti Ukrainian bee species. *Ukrayins'kyu pasichnyk – Ukrainian beekeeper*. 5:37–40 (in Ukrainian).

10. Metlyts'ka, O. I., S. I. Kovtun, and M. D. Pal'kina. 2015. DNK-pasportyzatsiya porid bdzhil Ukrayiny v systemi zberezhennya i vdoskonalennya yikh henofondu – DNA certification breeds bees Ukraine in the preservation and improvement of the gene pool. *Visnyk ahrarnoyi nauky – Bulletin of Agrarian Science*. 7:39–43 (in Ukrainian).

УДК 636.4:636.082:575.827

## АНАЛІЗ ПОЛІМОРФІЗМУ ГЕНА MUC4, АСОЦІЙОВАНОГО ЗІ СТІЙКІСТЮ СВИНЕЙ ВІТЧИЗНЯНОЇ ТА ЗАРУБІЖНОЇ СЕЛЕКЦІЇ ДО КОЛІБАКТЕРІОЗУ

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

*Інститут свиначства і агропромислового виробництва НААН (Полтава, Україна)*  
[maestropoltava@rambler.ru](mailto:maestropoltava@rambler.ru)

*Проведено дослідження поліморфізму гена муцин-4 (MUC4), що асоційований із резистентністю свиней до ентеропатогенних штамів бактерії Escherichia coli. Молекулярно-генетичний аналіз проведений на вибірці тварин шести порід та внутріпорідних типів свиней різного напрямку продуктивності – велика біла англійської селекції, українська велика біла тип 1 і тип 3, миргородська, полтавська м'ясна, червона білопояса, ландрас. Встановлені основні генетико-популяційні параметри свиней досліджуваних порід за геном MUC4 для кожної мікропопуляції.*

*Розподіл частот алелів показав переважання потенційно корисного алеля G серед свиней досліджуваних порід. На основі розрахованого індексу PIC можна стверджувати, що локус MUC4 є перспективним щодо використання у маркер-асоційованій селекції з метою удосконалення генетичної резистентності тварин до колібактеріозу.*

**Ключові слова:** свині, колібактеріоз, популяція, поліморфізм, ДНК-маркер, ген муцин 4

## ANALYSIS OF POLYMORPHISM IN MUCIN 4 GENE ASSOCIATED WITH ANIMAL RESISTANCE TO COLIBACTERIOSIS IN PIGS OF DOMESTIC AND FOREIGN SELECTIONS

H. Rudoman, V. Balatskyi, V. Nor

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

*Researches of polymorphism in mucin 4 gene (MUC4) were made. Polymorphism is associated with resistance of pigs to enteropathogenic strains of bacteria Escherichia coli. Molecular-genetic analysis was made on samples of animals of six breeds of pigs of different productive directions – Large White of English selection, Large White of Ukrainian selection Type 1 and Type 3, Red White-Belt, Mirgorod, Poltava Meat and Landrace.*

*Basic genetic-population parameters in MUC4 gene in the chosen breeds were determined. Distribution of allele frequencies showed domination of potential useful allele G among the studied populations of pigs. Based on the calculated PIC index we can confirm locus MUC4 to be used perspectivevely in marker associated selection to improve the genetic resistance of animals to colibacteriosis.*