

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 штамми 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, дюррок, 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 MgCl₂, 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: 94⁰C – 5 хв.; 35 циклів: 94⁰C – 40 с, 60⁰C – 40 с, 72⁰C – 60 с, 72⁰C – 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 χ^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					χ^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; χ^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 ² , %
	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, D² – 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 svynei 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 seleksioneriv – 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 svynei 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: *materijaly Mezhdunarodnoj nauch. konf, 3–6 dekabrya 2008 g. «Genetika i biotehnologija 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'kyj, H. I. Syrovnyev, and V. T. Smetanin. Polimorfizm lokusiv FUT1 ta MUC4 u populyatsiyi svyney ukrajins'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'kyj. 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 byometryi 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

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