

О. М. Коновал, С. О. Костенко, В. Г. Спиридонов,
С. Д. Мельничук, член-кореспондент НАН України І. П. Григорюк

Генетична структура української популяції свиней породи велика біла за геном естроген-рецептора

*The polymorphism of Large White pig breed (*Sus scrofa*) by *ESR* gene has been investigated by PCR RLFP. The frequency of desirable genotype BB is fluctuated from 4.5 to 27.9%.*

Висока продуктивність свинарства досягається удосконаленням генетичного потенціалу порід, правильним утримуванням свиней, збалансованим раціоном харчування, профілактикою захворювань, униканням впливу мутагенних факторів, застосуванням імуномодельючих препаратів з метою підвищення природної резистентності тощо. Однак до цього часу у свині свійської (*Sus scrofa*) спостерігається високий внутрішньопородний рівень поліморфізму за генами, які пов'язані з кількісними ознаками. Наприклад, у високоплідних свиноматок народжуються тварини з низькими репродуктивними якостями.

Дослідження тварин за генами кількісних ознак (Quantitative Trait Loci) дає можливість ідентифікувати гени з господарсько цінним фенотипічним проявом і використовувати їх у програмах генетичного покращення. Ген естроген-рецептора (*ESR*) — один з перших генетичних маркерів, вплив якого на репродуктивні показники свиней було достовірно підтверджено ще у 1991 р. [1]. У 1994 р. в США та країнах ЄС компанією PIC (Pig Improvement Company) запроваджено програму селекції за допомогою маркерів (Marker-assisted selection, MAS), до якої включили ген *ESR* як генетичний маркер плідності. На сьогодні ген *ESR* вважається найкращим маркером для селекції з метою підвищення плідності у свиней [2].

Гормон естроген відіграє важливу роль у материнському сприйнятті вагітності [3]. Запліднена яйцеклітина під час розвитку сприяє підвищенню рівня естрогену та інших гормонів, які впливають на її сприйняття у матці і приживлюваність ембріонів [4]. Дія естрогену реалізується через його рецептор — білок естроген-рецептор, що кодується геном *ESR*. Описано два алельні варіанти гена *ESR* — *A* і *B*, алель *B* асоційований зі збільшенням кількості поросят, народжених живими [5, 6].

Необхідно зазначити, що популяції свиней в Україні залишаються практично недослідженими за генами господарсько-цінних ознак. Не налагодженим залишається і сам процес генотипування племінних тварин. З огляду на це метою наших досліджень було вивчення поліморфізму гена *ESR* у свиней породи велика біла, яка становить близько 70% усього генофонду свиней в Україні.

Дослідження проводили у відділі молекулярної діагностики Української лабораторії якості і безпеки продукції АПК Національного аграрного університету (УЛЯБП АПК НАУ). Біоптат (кров та волосяні фолікули) свиней відбирали в трьох господарствах. Досліджено 123 тварини породи велика біла різного походження у ВАТ “Маки” (с. Макиївка Білоцерківського р-ну) — місцевої селекції, СП ТОВ “Нива Переяславщини” (Переяслав-Хмельницький р-н) — датської та ВАТ агрокомбінат “Калита” (Броварський р-н) — англійської. Геномну ДНК виділяли за допомогою сорбенту діоксиду кремнію в присутності хаотропних агентів [6]. Генотипування проводили методом ПЛР ПДРФ (полімеразна ланцюгова

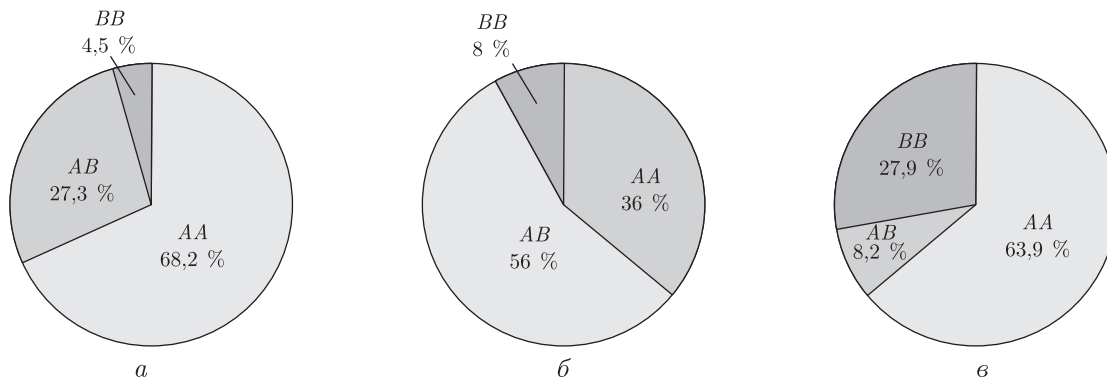


Рис. 1. Співвідношення генотипів свиней породи велика біла за геном *ESR* у господарствах Київської області: а — СП ТОВ "Нива Переяславщини"; б — ВАТ "Маки"; в — ВАТ агрокомбінат "Калита"

реакція, поліморфізм довжин рестрикційних фрагментів) із використанням діагностичного набору, який розроблено у відділі молекулярної діагностики УЛЯБП АПК НАУ. Для перевірки достовірності генотипування кожену 10-ту реакцію проведено повторно.

У результаті проведених досліджень визначено частоти генотипів (табл. 1). Встановлено, що популяція великої білої породи в Україні має 18% тварин із генотипом *BB*. Наявність обох алелів *BB* асоційована зі збільшенням кількості поросят за опорос та кількістю опоросів. Нами здійснено розподіл тварин за генотипами *ESR* у різних господарствах України (рис. 1). Найбільша частота бажаного генотипу *BB* була характерна для свиней англійської селекції (ВАТ "Калита") — 27,9%. Серед тварин місцевої селекції (ВАТ "Маки") частота генотипу *BB* становила 8,0%, а для тварин датської селекції (СП ТОВ "Нива Переяславщини") була найменшою — лише 4,5%.

Таблиця 1. Частоти генотипів і алелів генів *ESR* у свиней породи велика біла в Україні, %

Генотип <i>ESR</i>			Алелі	
<i>AA</i>	<i>AB</i>	<i>BB</i>	<i>A</i>	<i>B</i>
60,0	22,0	18,0	71,0	29,0

Таким чином, частота генотипу *BB* за геном *ESR* у свиней породи велика біла в Україні коливається від 4,5 до 27,9%. Враховуючи літературні дані, популяція великої білої породи в Україні характеризується високим генетичним потенціалом за геном *ESR*. Проведення генетичного моніторингу ремонтного молодняка і особливо кнурів могло б істотно збільшити частоту бажаних генотипів й покращити репродуктивні якості свиней. Отримані результати доцільно враховувати при реалізації селекційних програм у свинарстві.

1. Rothschild M., Soller M. Candidate gene analysis to detect traits of economic importance in domestic livestock // Probe. — 1997. — 8. — P. 13–20.
2. Omelka R., Vasicek D., Martiniakova M. et al. Simultaneous Detection of Malignant Hyperthermia and Genetic Predisposition for Improved Litter Size in Pigs by Multiplex PCR-RFLP // Folia biol. (Kraków). — 2004. — 52, No 1–2. — P. 113–115.
3. Geisert R. D., Zavy M. T., Moffatt R. J. et al. Embryonic steroids and the establishment of pregnancy in pigs // J. Reprod. and Fert. Suppl. — 1990. — 40. — P. 293–305.
4. Pope W. F. Embryonic mortality in swine. Embryonic Mortality in Domestic Species. — CRC Press, Boca Raton, FL. — 1994. — P. 53–77.

5. Rothschild M., Jacobson C., Vaske D. et al. The estrogen receptor locus is associated with a major gene influencing litter size in pigs // Proc. Nat. Acad. Sci. USA. – 1996. – **93**. – P. 201–205.
6. Matousek V., Kernerova N., Kolarikova O. et al. Effect of RYR1 and ESR genotypes on the fertility of sows of Large White breed in elite herds // Czech. J. Anim. Sci. – 2003. – **48**, No 3. – P. 129–133.
7. Boom R., Sol C. J. A., Salimans M. M. M. et al. Rapid and simple method of purification of nucleic acids // J. Clin. Microbiol. – 1990. – **28**, No 3. – P. 495–503.

Українська лабораторія якості і безпеки продукції АПК
Національного аграрного університету, Київ
ННІ охорони природи і біотехнологій
Національного аграрного університету, Київ

Надійшло до редакції 29.11.2007

УДК 579.861.2

© 2008

Г. М. Олешко, Г. А. Любченко

Поверхневі білки-адгезини стафілококів та їх амінокислотні послідовності

(Представлено академіком НАН України Д. М. Гродзинським)

The Staphylococcus aureus infection remains a problem of today's time. Adhesion of the cells of bacteria to fabrics of the owner is an initial critical step in the pathogenic process. On the literary data, the important role in adhesion of S. aureus is played by surface adherence proteins. The purpose of our work was to perform the analysis of aminoacides of the surface adherence proteins received by us from strain Wood-46(2351) and to compare the obtained data with the literary ones. As a result of the analysis, we note two different pairs: methionine-cysteine and glutamine-asparagine. These amino acids can influence the adhesion properties of S. aureus and can be a stimulus for the formation of the immune answer.

Протягом останніх десятиріч проблема захворювань стафілококової етіології залишається актуальною у зв'язку з їх широким поширенням. Стафілококова інфекція і в теперішній час охоплює 15–45% всього населення України. Значну роль у розповсюдженні золотистого стафілокока відіграють характерні для нього компоненти захисту та фактори патогенності, через які дослідження поширення стафілококів в організмі ускладнюється [1]. *Staphylococcus aureus* продукує поверхневі білки, серед яких найбільшу увагу привертають білки-адгезини. Відомо [1, 2], що важливу роль у колонізації, проникненні та адгезії відіграють поверхневі білкові антигени стафілокока. Адгезія — це один з ключових моментів розповсюдження клітин бактерій у патогенному процесі. На даний час увага дослідників зосереджена на з'ясуванні амінокислотних послідовностей поверхневих білків-адгезинів. На сьогодні існують дані щодо амінокислотних послідовностей поверхневих білків з родини Ear-білків.

Після узагальнення досліджень [2–4] встановлено, що білки, які виділено з різних штамів *S. aureus*, мають подібні, але не ідентичні характеристики. Так, із *S. aureus* штаму Newman виділено Ear (extracellular adherence protein — позаклітинний адгезивний білок) [4]. Мар-білок (Major histocompatibility complex class II analog protein — аналог білків II класу