


original article | UDC 636.4.082.2 | doi: 10.31210/visnyk2022.03.13

HEMATOLOGICAL FEATURES OF PIGS OF DIFFERENT GENOTYPES

P. Vashchenko^{1*}

ORCID  [0000-0002-9287-819X](https://orcid.org/0000-0002-9287-819X)

V. Sukhno²

ORCID  [0000-0002-0251-5329](https://orcid.org/0000-0002-0251-5329)

¹ Poltava State Agrarian University, Skovorody St., 1/3, Poltava, 36003, Ukraine.

² Institute of Pig Breeding and Agroindustrial Production of National Academy of Agrarian Sciences of Ukraine, Shvedska Mohyla St., 1, Poltava, 36000, Ukraine.

*Corresponding author

E-mail: pavlo.vashchenko@pdaa.edu.ua

How to Cite

Vashchenko, P., & Sukhno, V. (2022). Hematological features of pigs of different genotypes. *Bulletin of Poltava State Agrarian Academy*, (3), 102–110. doi: 10.31210/visnyk2022.03.13

The reseaches of polymorphism of genes associated with natural resistance to diseases of breeding animals, and especially pigs, is becoming more and more relevant. The increased attention to this problem is explained by a number of factors, which include the widespread practice of using antibiotics in the industrial production of pig production during the last decades for prophylactic purposes and as growth stimulants, which caused the emergence of resistant strains of microorganisms to the most common antimicrobial drugs. In connection with the adopted legislative restrictions on the use of antibiotics in countries with developed animal husbandry, breeding and genetic methods of increasing the resistance of pigs have gained significant importance. At the same time, the predominant selection for one trait (in this case for resistance) can lead to unpredictable undesirable side effects, which should be detected before the introduction of such selection into industry practice. Hematological and biochemical indicators of blood are important markers of the general status of health, as well as the intensity of metabolism and a large number of other characteristics indirectly related to productivity. In order to prevent the appearance of undesirable consequences from selection, we set an aim to provide a comparative characterization of the hematological indicators of Ukrainian large white pigs (ULW-3) depending on their genotype according to DNA markers associated with resistance to infectious diseases of pigs. As a result of the research, it was established that AA (FUT 1) and TT (NRAMP1) genotypes are desirable for increasing resistance and have a positive effect on blood biochemical parameters (higher content of protein, albumins, higher activity of Aspartat- and Alanin-Aminotransferase enzymes), which is related to the fattening productivity of pigs (average daily gains, age of reaching live weight of 100 kg), however, a significant influence of genotype was established only for the NRAMP1 gene polymorphism. In the studied population of Large White Breed of intrabreed type ULW-3, no reliable influence of FUT 1 and NRAMP1 gene polymorphisms on the content of leukocytes, erythrocytes and hemoglobin was recorded, which makes it possible to carry out selection based on these genes without worsening hematological indicators.

Keywords: pig breeding, large white breed, DNA markers, NRAMP1 (SLC11A1), FUT1, hematology.

ГЕМАТОЛОГІЧНІ ОСОБЛИВОСТІ СВИНЕЙ РІЗНИХ ГЕНОТИПІВ

П. А. Ващенко¹, В. В. Сухно²

¹ Полтавський державний аграрний університет, м. Полтава, Україна

² Інститут свинарства і агропромислового виробництва Національної академії аграрних наук України, м. Полтава, Україна

Все більшої актуальності набуває питання селекції тварин, і особливо свиней, за поліморфізмом генів пов'язаних із природною резистентністю до хвороб. Підвищена увага до даної проблеми пояснюється рядом чинників, до яких відносяться широко розповсюджена у промисловому виробництві продукції свинарства протягом останніх десятиріч практика застосування антибіотиків з профілактичною метою та у якості стимуляторів росту, яка спричинила появу стійких штамів мікроорганізмів до найбільш поширених антимікробних препаратів. У зв'язку з прийнятими законодавчими обмеженнями використання антибіотиків у країнах з розвиненим тваринництвом, селекційно-генетичні методи підвищення резистентності свиней набули суттєвого значення. Водночас, переважаюча селекція за однією ознакою (у даному випадку за резистентністю) може призвести до непередбачуваних небажаних побічних наслідків, які бажано виявити, до впровадження такої селекції у практику галузі. Гематологічні та біохімічні показники крові є важливими індикаторами як загального стану здоров'я організму, так і інтенсивності обміну речовин та великої кількості інших характеристик опосередковано пов'язаних із продуктивністю. Для запобігання появи небажаних наслідків від селекції нами була поставлена мета дати порівняльну характеристику гематологічних показників свиней великої білої породи (УВБ-3) в залежності від їх генотипу за ДНК-маркерами, пов'язаними із резистентністю до інфекційних хвороб свиней. В результаті проведених досліджень було встановлено, що генотипи АА (FUT 1) та ТТ (NRAMP1) є бажаними для підвищення резистентності та позитивно впливають на біохімічні показники крові (більший вміст білку, альбумінів, вища активність ферментів Аспартат- та Аланін-амінотрансферази), які в свою чергу, пов'язані із відгодівельною продуктивністю свиней (середньодобові прирости, вік досягнення живої маси 100 кг), проте достовірний вплив генотипу було встановлено тільки для поліморфізму гену NRAMP1. У досліджуваному поголів'ї великої білої породи внутріпородного типу УВБ-3 не було зафіксовано достовірного впливу поліморфізму генів FUT 1 та NRAMP1 на вміст лейкоцитів, еритроцитів та гемоглобіну, що дає можливість проводити селекцію за даними генами не погіршуючи при цьому гематологічні показники.

Ключові слова: свинарство, велика біла порода, ДНК-маркери, NRAMP1 (SLC11A1), FUT1, гематологія.

Вступ

Селекція свиней за ДНК-маркерами пов'язаними із резистентністю до хвороб набуває останнім часом все більшого поширення. Актуальність такого підходу викликана рядом чинників, серед яких найбільш суттєвими є зростання стійкості бактерій до антибіотиків (у зв'язку із поширеною до недавнього часу масовою практикою профілактичного використання антимікробних препаратів у промисловому свинарстві [0]); поширення вірусних інфекційних хвороб, таких як африканська чума свиней, які не підлягають лікуванню і не мають розробленої дієвої вакцини [0]; отримані результати молекулярно-генетичних досліджень, у яких поряд із прямим впливом окремих ДНК-маркерів на резистентність було встановлено також їх опосередкований зв'язок із показниками продуктивності свиней [0]. Обмеження щодо використання антимікробних препаратів як профілактичних засобів, які стали застосовуватись у країнах Європейського Союзу після набуття чинності [0], також внесли значний вклад у розвиток селекційних методів створення популяцій свиней із підвищеною генетичною резистентністю до хвороб. Враховуючи євроінтеграційні процеси в Україні, впровадження цих методів селекції у практичну роботу відбудеться найближчим часом і в нашій країні.

Серед генів вплив яких на резистентність свиней слід відзначити «Ген протеїну асоційованого із природною резистентністю макрофагів 1 – Natural Resistance-Associated Macrophage Protein 1 gene» (NRAMP1), також відомий як SLC11A1 [0], а також представляє інтерес ген фукозилтрансферази 1 (FUT1) [0]. NRAMP1 вперше був визначений як потенційний ген, що може впливати на стійкість свиней до сальмонельозу [0, 0]. Отримані результати [0] довели, що ген NRAMP1 можна розглядати

СІЛЬСЬКЕ ГОСПОДАРСТВО. ТВАРИННИЦТВО

як молекулярний маркер для відбору свиней генетично більш стійких до широкого спектру як інфекційних так і неінфекційних хвороб.

Ген *FUT1* пов'язаний в першу чергу із стійкістю до колібактеріозу. Слід зазначити, що дана хвороба є однією із найбільш розповсюджених інфекційних хвороб у свинарстві України [0, 0, 0, 0, 0, 0]. Проблемою колібактеріозу займаються також і у розвинених країнах з високим рівнем ведення галузі свинарства [0, 0].

Проте, не зважаючи на достатню кількість робіт присвячених вивченню зв'язку даних генів із природньою резистентністю до захворювань, роботи у яких би досліджували вплив даних генів на гематологічні показники інтер'єру та біохімічні показники крові практично відсутні.

Мета роботи. Дати порівняльну характеристику гематологічних показників свиней великої білої породи (УВБ-3) в залежності від їх генотипу за ДНК-маркерами, пов'язаними із резистентністю до інфекційних хвороб свиней.

Завдання дослідження. Визначити вплив генотипу свиней (за ДНК-маркерами *NRAMP1/SLC11A1* та *FUT1*) на гематологічні показники крові (вміст еритроцитів, лейкоцитів, гемоглобіну); визначити вплив генотипу на біохімічні показники крові (вміст білку, креатиніну, білкових фракцій, у тому числі альбумінів та $\alpha 1$ -, $\alpha 2$ -, β - та γ -глобулінів); визначити вплив генотипу за досліджуваними генами на активність ферментів аланін- та аспартат-амінотрансферази (АлАТ та АсАТ).

Матеріал і методи досліджень

Дослідження проведено на 50-ти свинях великої білої породи української селекції (УВБ-3) господарства "Плехів-Агро" Полтавської області. Лабораторні дослідження проведено в Інституті свинарства і агропромислового виробництва НААН.

На першому етапі досліджень були визначені генотипи тварин за локусом 334 *NRAMP1* (*HinfI*) та *FUT1* (SNP *g.307 G > A*). Для цього з вушної вени тварини у вакуумну пробірку з антикоагулянтном (дигідрат цитрату натрію) відбирали асептично 10 мл крові. Геномну ДНК виділяли з 400 мкл крові сорбентним методом із використанням стандартного протоколу виділення ДНК ссавців за допомогою "Chelex 100" [0]. ДНК-типування проводили за допомогою ПЛР-ПДРФ [0]. Фрагмент гена свині *SLC11A1* (*NRAMP1*), що складається з 536 пар нуклеотидів ампліфікували за допомогою пари специфічних праймерів [0]: прямий (F: 5'- GCGTCAGTCTTCCCTGCTCAG- 3 ') і зворотний (R: 5'- ACGGCAGTTACCACTCTCCATC T -3'). При дослідженні гену *FUT1* використовували праймери наступної структури: Forward: 5/ - CCAACGCCTCCGATTCCTGT -3/ and Reverse: 5/ - GTGCATGGCAGGCTGGATGA -3/ [0]. Для рестрикції *NRAMP1* використовували фермент *HinfI* генотип в позиції 334 (рахуючи від початку ампліфікованого фрагмента) визначали за допомогою шаблонів наведених в таблиці 1 (скомпоновано за даними [0] та інформації, представленої в NCBI GenBank [0]).

1. Довжина рестрикційних фрагментів для різних генотипів *NRAMP1*

Генотип <i>NRAMP1</i> у позиції 334	Довжина рестрикційних фрагментів
CC	76, 100, 360
	76, 100, 360, 436
	100, 436
CT	76, 100, 155, 205, 360
	100, 205, 231, 436
	76, 100, 155, 205, 436
	76, 100, 205, 231, 360
TT	76, 100, 155, 205, 231
	76, 100, 155, 205
	100, 205, 231

Ампліфікат гену *FUT1* піддавали рестрикції ферментом *HspAI* (Thermo Fisher Scientific, Литва), після чого проводили типування відповідно до довжини фрагментів рестрикції: AA – 161 п. н., GA – 161, 117, 44 п. н., GG: 117, 44 п. н.

Після проведення ДНК-типування, тварини були розбиті на дослідні групи відповідно до їх генотипу.

СІЛЬСЬКЕ ГОСПОДАРСТВО. ТВАРИННИЦТВО

Матеріалом для аналітичних досліджень слугувала периферійна кров (венозна). Біохімічні та морфологічні показники, що характеризують обмін речовин у тварин, визначали шляхом використання наступних методів: загальний білок — за біуретовою реакцією (г/л); білкові фракції – турбідиметричним методом (%); активність АЛАТ і АсАТ визначали динітрофенілгидразиним методом за Райтманом-Френкелем (мккат/л); загальний гемоглобін – ціанідним методом (г/л); креатинін – з пікріновою кислотою (мкмоль/л); еритроцити - підрахунком у 80 малих квадратах камери Горяєва; лейкоцити – підрахунком у 100 великих квадратах камери Горяєва; лейкоцитарну формулу – шляхом візуальної мікроскопії та диференційного підрахунку лейкоцитів у мазках, забарвлених за Романовським-Гімзе [0, 0].

Статистичну обробку отриманих даних проводили з використанням програм Genalex 6 [0], Microsoft Excel 2019 і Statistica 12 [0], попередньо перевіряючи нормальність їх розподілу за W тестом Шапіро-Вілка й тестом Лілієфорса. Розраховувалися такі показники описової статистики як: середнє і його помилка ($\bar{X} \pm Se$). Вірогідність різниці (p) розраховували з використанням дисперсійного аналізу (ANOVA) та критерію Фішера. Матриці кореляції розраховували за Спірменом.

Результати досліджень та їх обговорення

У фрагменті гену *NRAMP1* з 536 пар нуклеотидів поліморфізм було встановлено в позиції 334 (частоти генотипів: СС-СТ-ТТ склали відповідно 0,02-0,66-0,32). Також поліморфізм було встановлено і за геном *FUT1* (*HspAI*), де частоти генотипів АА-ГА-ГГ склали відповідно 0,14-0,26-0,60. Індекс інформаційного вмісту поліморфізму за цими локусами виявився достатньо високим для проведення асоціативного аналізу з біохімічними показниками крові та складав відповідно 0.350 для *NRAMP1*(*HinfI*) і 0.320 для *FUT1* (*HspAI*).

Дослідженнями гематологічних показників крові свиней типованих за генами *FUT1* (*HspAI*) та *NRAMP1*(*HinfI*)334 встановлено, що вірогідної різниці між гематологічними показниками свиней з різним генотипом не виявлено (табл. 2).

2. Гематологічні показники крові свиней різних генотипів

Показник	Генотип за певним локусом		
	<i>FUT1</i>		
	АА (n=7)	АГ (n=12)	ГГ (n=30)
Еритроцити, млн./мм ³	6,65±0,20	6,67±0,26	6,80±0,21
Лейкоцити, тис./мм ³	12,88±1,02	13,10±0,67	12,65±0,29
Гемоглобін, г/л	123,57±2,19	127,00±2,81	122,67±1,20
	<i>NRAMP1 HinfI 334</i>		
	СТ (n=33)	ТТ (n=16)	СС (n=1)
Еритроцити, млн./мм ³	6,76±0,19	6,81±0,18	7
Лейкоцити, тис./мм ³	12,94±0,33	12,41±0,53	13
Гемоглобін, г/л	125,24±1,35	121,25±1,40	122

Водночас, у роботі [0] було встановлено достовірний вплив поліморфізму гена *NRAMP1* на вміст лейкоцитів у крові свиней китайської великої білої породи. Також і у дослідженнях [0] було встановлено достовірний вплив генетичних факторів на гематологічні показники. Такі відмінності можуть пояснюватись відмінностями у походженні досліджуваного поголів'я.

Аналогічні результати виявлено і за геном *FUT1*. В наших дослідженнях не було встановлено достовірного впливу поліморфізму даного гену на гематологічні показники. На противагу, в популяції сугайських свиней (Китай) [0, 0] гемоглобін і кількість лейкоцитів були значно вищими у свиней з генотипом АА, ніж у типів АГ і ГГ (p<0,05), без істотної різниці між типами АГ і ГГ (p>0,05). Тоді як, результати дослідження отримані на свинях італійської великої білої породи [0], узгоджуються із отриманими нами: поліморфізм гену *FUT1* не показав значного впливу на гематологічні параметри. Таким чином, логічним буде висновок, що наявність достовірного впливу поліморфізму даного гену на гематологічні показники залежить від походження і генетичних особливостей піддослідного поголів'я.

Біохімічні показники крові свиней (табл. 3), що мають різні генотипи за *FUT1* також суттєво не відрізняються. Проте у тварини з генотипом АА дещо більший вміст білку, креатиніну та гамма

СІЛЬСЬКЕ ГОСПОДАРСТВО. ТВАРИННИЦТВО

глобулінів, у свиней з генотипом AG – вищі вміст альбумінів та активність АлАТ, а тварини з генотипом GG мали більше $\alpha 1$, $\alpha 2$ та β глобулінів, а також вищу активність АсАТ.

3. Окремі біохімічні показники крові свиней типованих за геном *FUT 1*

Показник	AA (n=7)	AG (n=12)	GG (n=30)
Білок, г/л	8,75±0,29	8,37±0,29	8,33±0,19
Креатинін, мкмоль/л	244,96±5,27	242,52±7,41	233,85±6,26
Альбуміни, %	35,73±6,09	38,86±3,22	31,98±3,62
$\alpha 1$, %	6,83±1,64	6,76±0,82	7,56±0,89
$\alpha 2$, %	12,34±1,16	12,70±0,62	13,10±0,44
β , %	15,05±2,33	13,96±1,05	17,99±2,29
γ , %	30,05±5,77	27,73±1,73	29,37±2,08
АсАТ, мккат/л	0,20±0,03	0,18±0,02	0,24±0,03
АлАТ, мккат/л	1,63±0,34	1,71±0,26	1,41±0,17

Кореляційний аналіз отриманих даних виявив наступні взаємозв'язки, за генотипом AG гену *FUT 1*: еритроцити млн./мм³ – маса у віці 6 місяців – 0,691809 ($p = 0,012683$); еритроцити млн./мм³ – середньодобовий приріст за період 4–6 місяців – 0,639877 ($p = 0,025029$); еритроцити млн./мм³ – середньодобовий приріст від народження до 6 місяців – 0,681341 ($p = 0,025029$); еритроцити млн./мм³ – вік досягнення маси 100 кг – -0,681341 ($p = 0,014696$).

За генотипом GG гену *FUT 1*: лейкоцити тис./мм³ – середньодобовий приріст за період 4–6 місяців – 0,376238 ($p = 0,040447$); лейкоцити тис./мм³ – середньодобовий приріст від народження до 6 місяців – 0,361593 ($p = 0,049602$); лейкоцити тис./мм³ – вік досягнення маси 100 кг – -0,367297 ($p = 0,045858$); гемоглобін г/л – маса у віці 6 місяців – 0,478012 ($p = 0,007548$); гемоглобін г/л – середньодобовий приріст за період 4–6 місяців – 0,392321 ($p = 0,032006$); гемоглобін г/л – середньодобовий приріст від народження до 6 місяців – 0,478006 ($p = 0,007548$); гемоглобін г/л – вік досягнення маси 100 кг – -0,461936 ($p = 0,010175$).

За генотипом TT гену *NRAMP1 HinfI 334*: гемоглобін г/л – маса у віці 6 місяців – 0,581191 ($p = 0,018218$); гемоглобін г/л – середньодобовий приріст за період 4–6 місяців – 0,535229 ($p = 0,032641$); гемоглобін г/л – середньодобовий приріст від народження до 6 місяців – 0,582673 ($p = 0,017855$); гемоглобін г/л – вік досягнення маси 100 кг – -0,57823 ($p = 0,018963$).

За генотипом СТ гену *NRAMP1 HinfI 334*: гемоглобін г/л – маса у віці 6 місяців – 0,560303 ($p = 0,000696$); гемоглобін г/л – середньодобовий приріст за період 4–6 місяців – 0,459961 ($p = 0,007077$); гемоглобін г/л – середньодобовий приріст від народження до 6 місяців – 0,562695 ($p = 0,000653$); гемоглобін г/л – вік досягнення маси 100 кг – 0,55109 ($p = 0,000888$).

Виявлено тенденцію до кращих зоотехнічних показників таких як, маса у віці 6 місяців, середньодобовий приріст, та відповідно вік досягнення маси 100 кг у свиней з генотипом AA за геном *FUT 1* (табл. 4).

4. Окремі зоотехнічні показники свиней типованих за геном *FUT 1*

Показник	AA (n=7)	AG (n=12)	GG (n=30)
Маса у віці 6 місяців, кг	97,60±2,55	94,22±1,85	94,77±1,55
Середньодобовий приріст з 4 до 6 місяців, г	765,95±30,39	736,54±34,15	722,72±22,33
Середньодобовий приріст від народження до 6 місяців, г	532,39±13,57	514,39±10,17	516,92±8,39
Вік досягнення маси 100 кг, днів	183,78±3,44	189,32±2,87	189,18±2,32

Отримані нами дані узгоджуються із результатами дослідження [0], де свині великої білої породи з генотипом AA також відрізнялись кращим віком досягнення маси 100 кг ($p \leq 0,001$).

Біохімічні показники крові свиней типованих за геном *NRAMP1 HinfI 334* також вірогідно між собою не відрізнялись (табл. 5). Проте, у свиней з генотипом СТ спостерігали певну тенденцію до більшого вмісту у крові креатиніну, $\alpha 1$ та β глобулінів, а також активністю АлАТ. У крові тварин з

СІЛЬСЬКЕ ГОСПОДАРСТВО. ТВАРИННИЦТВО

генотипом ТТ гену *NRAMP1* *HinfI* 334 було виявлено більший вміст білку, альбумінів, а також вищу активність АсАТ. Оскільки з генотипом СС була виявлена всього одна тварини в статистичні обрахунки для даної групи не проводились.

5. Окремі біохімічні показники крові свиней різних генотипів *NRAMP1*

Показник	СТ (n-33)	ТТ (n-16)	СС (n-1)
Білок, г/л	8,31±0,17	8,59±0,27	8,33
Креатинін, мкмоль/л	239,41±4,81	237,38±8,56	184,38
Альбуміни, %	34,40±2,98	36,95±4,48	28,33
α1, %	7,60±0,68	6,29±1,28	5,00
α2, %	12,97±0,40	12,38±0,82	13,33
β, %	16,68±1,79	15,19±1,65	15,83
γ, %	28,36±1,53	29,18±4,17	37,5
АсАТ, мккат/л	0,21±0,02	0,25±0,03	0,16
АлАТ, мккат/л	1,54±0,16	1,52±0,24	0,84

Кращі зоотехнічні показники такі як, маса у віці 6 місяців, середньодобовий приріст, та відповідно вік досягнення маси 100 кг були у свиней з генотипом ТТ за геном *NRAMP1* *HinfI* 334 (табл. 6). Наприклад, маса у віці 6 місяців вірогідно краща на 5,1 % ($p = 0,03$), а середньодобовий приріст від народження до 6 місяців більший на 5,4 % ($p = 0,03$).

6. Окремі зоотехнічні показники свиней різних генотипів *NRAMP1* *HinfI* 334

Показник	СТ (n-33)	ТТ (n-16)	СС (n-1)
Маса у віці 6 місяців, кг	93,60±1,10	98,64±2,31*	84,0
Середньодобовий приріст 4-6, г	716,72±18,26	770,00±33,86	646,7
Середньодобовий приріст 0-6, г	510,82±6,03	537,98±12,33*	457
Вік досягнення маси 100 кг	190,23±1,82	183,79±3,20	204,8

Примітка: * – різниця достовірна при $p < 0,05$.

Наведені у таблиці 6 дані узгоджуються з результатами отриманими в дослідженнях [0], де було встановлено достовірний вплив генотипів *NRAMP1* на масу свиней у шість місяців.

Кореляційний аналіз окремих біохімічних показників крові з показниками продуктивності виявив наступні взаємозв'язки за генотипом АГ гену *FUT 1*: вміст білку – маса у віці 6 місяців; 0,976303; ($p = 0,000001$); вміст білку – середньодобовий приріст від чотирьох до шести місяців – 0,900118; ($p = 0,000028$); вміст білку – середньодобовий приріст від народження до 6 місяців – 0,974961; ($p = 0,000001$); вміст білку – вік досягнення маси 100 кг – 0,97496 ($p = 0,000001$); креатинін – маса у віці 6 місяців – 0,80899 ($p = 0,000811$); креатинін – середньодобовий приріст від 4 до 6 місяців – 0,859203 ($p = 0,000168$); креатинін – середньодобовий приріст від народження до 6 місяців – 0,813449 ($p = 0,000718$); креатинін – вік досягнення маси 100 кг – -0,81345 ($p = 0,000718$); альбуміни – маса у віці 6 місяців; 0,85331; ($p = 0,030699$); альбуміни – середньодобовий приріст від 4 до 6 місяців – 0,735612 ($p = 0,095611$); альбуміни – середньодобовий приріст від народження до 6 місяців – 0,85331 ($p = 0,030699$); альбуміни – вік досягнення маси 100 кг – -0,85331 ($p = 0,030699$); α2 – маса у віці 6 місяців – -0,85331 ($p = 0,030699$); α2 – середньодобовий приріст від 4 до 6 місяців – -0,73561 ($p = 0,095611$); α2 – середньодобовий приріст від народження до 6 місяців – -0,85331 ($p = 0,030699$); α2 – вік досягнення маси 100 кг – 0,85331 ($p = 0,030699$); АлАТ – маса у віці 6 місяців – 0,70182 ($p = 0,007497$); АлАТ – середньодобовий приріст від 4 до 6 місяців – 0,572829 ($p = 0,040734$); АлАТ – середньодобовий приріст від народження до 6 місяців – 0,698085 ($p = 0,007964$); АлАТ – вік досягнення маси 100 кг – -0,69809 ($p = 0,007964$).

За генотипом GG гену *FUT 1*: білок – маса у віці 6 місяців – 0,746028 ($p = 0,000002$); білок – середньодобовий приріст від 4 до 6 місяців – 0,793503 ($p = 0,000001$); білок – середньодобовий приріст від народження до 6 місяців – 0,764771 ($p = 0,000001$); білок – вік досягнення маси 100 кг – -0,76044 ($p = 0,000001$); креатинін – маса у віці 6 місяців – 0,658087 ($p = 0,000077$); креатинін – середньодобовий приріст від 4 до 6 місяців – 0,60808 ($p = 0,000364$); креатинін – середньодобовий приріст від народження до 6 місяців – 0,648397 ($p = 0,000107$); креатинін – вік досягнення маси 100 кг –

-0,6565 ($p = 0,000082$); альбуміни – маса у віці 6 місяців – 0,834898 ($p = 0,001385$); альбуміни – середньодобовий приріст від 4 до 6 місяців – 0,770675 ($p = 0,005501$); альбуміни – середньодобовий приріст від народження до 6 місяців – 0,827606 ($p = 0,001663$); альбуміни – вік досягнення маси 100 кг – -0,8349 ($p = 0,001385$); $\alpha 1$ – маса у віці 6 місяців – -0,73398 ($p = 0,010125$); $\alpha 1$ – середньодобовий приріст від 4 до 6 місяців – -0,77985 ($p = 0,004643$); $\alpha 1$ – середньодобовий приріст від народження до 6 місяців – -0,74944 ($p = 0,007924$); $\alpha 1$ – вік досягнення маси 100 кг – 0,733976 ($p = 0,010125$); γ – маса у віці 6 місяців – -0,66058 ($p = 0,026929$); γ – середньодобовий приріст від народження до 6 місяців – -0,64829 ($p = 0,030972$); γ – вік досягнення маси 100 кг – 0,660578 ($p = 0,026929$).

Кореляційний аналіз окремих біохімічних показників крові з показниками продуктивності виявив наступні взаємозв'язки за генотипом СТ гену *NRAMP1* HinfI 334: білок – маса у віці 6 місяців – 0,760907 ($p = 0,000001$); білок – середньодобовий приріст від 4 до 6 місяців – 0,69535 ($p = 0,000007$); білок – середньодобовий приріст від народження до 6 місяців – 0,763841 ($p = 0,000001$); білок – вік досягнення маси 100 кг – -0,781167 ($p = 0,000001$); креатинін маса у віці 6 місяців – 0,700538 ($p = 0,000006$); креатинін – середньодобовий приріст від 4 до 6 місяців – 0,677985 ($p = 0,000015$); креатинін – середньодобовий приріст від народження до 6 місяців – 0,705266 ($p = 0,000005$); креатинін – вік досягнення маси 100 кг – -0,721761 ($p = 0,000002$); альбуміни – маса у віці 6 місяців – 0,856974 ($p = 0,000045$); альбуміни – середньодобовий приріст від 4 до 6 місяців – 0,663113 ($p = 0,007046$); альбуміни – середньодобовий приріст від народження до 6 місяців – 0,853207 ($p = 0,000053$); альбуміни – вік досягнення маси 100 кг – -0,851539 ($p = 0,000056$); $\alpha 1$ – маса у віці 6 місяців – -0,733773 ($p = 0,001847$); $\alpha 1$ – середньодобовий приріст від 4 до 6 місяців – -0,60876 ($p = 0,016021$); $\alpha 1$ – середньодобовий приріст від народження до 6 місяців – -0,738962 ($p = 0,001647$); $\alpha 1$ – вік досягнення маси 100 кг – 0,72109 ($p = 0,002416$); β – маса у віці 6 місяців – -0,561405 ($p = 0,029433$); β – середньодобовий приріст від 4 до 6 місяців – -0,519886 ($p = 0,046984$); β – середньодобовий приріст від народження до 6 місяців – -0,553776 ($p = 0,03221$); β – вік досягнення маси 100 кг – 0,552379 ($p = 0,032739$); АлАТ – маса у віці 6 місяців – 0,464251 ($p = 0,006496$); АлАТ – середньодобовий приріст від народження до 6 місяців – 0,452156 ($p = 0,008248$); АлАТ – вік досягнення маси 100 кг -0,431896 ($p = 0,012078$).

За генотипом ТТ гену *NRAMP1* HinfI 334: білок – маса у віці 6 місяців – 0,819127 ($p = 0,000104$); білок – середньодобовий приріст від 4 до 6 місяців – 0,884658 ($p = 0,000005$); білок – середньодобовий приріст від народження до 6 місяців – 0,847425 ($p = 0,000034$); білок – вік досягнення маси 100 кг – -0,841467 ($p = 0,000044$); креатинін – середньодобовий приріст від 4 до 6 місяців – 0,50807 ($p = 0,044503$); креатинін – вік досягнення маси 100 кг – -0,505054; ($p = 0,045995$);

Виявлені нами кореляційні зв'язки вказують на те, що незалежно від генотипу за *NRAMP1* та *FUT1* більший вміст білку у крові та вища активність ферментів АлАТ та АсАТ позитивно корелює із відгодівельними якостями свиней. Проте за окремими генотипами досліджуваних генів даний зв'язок проявляється в більшій мірі.

Висновки

Генотипи АА (*FUT 1*) та ТТ (*NRAMP1*) є бажаними для підвищення резистентності та позитивно впливають на біохімічні показники крові (більший вміст білку, альбумінів, вища активність ферментів АсАТ та АлАТ), які в свою чергу, пов'язані із відгодівельною продуктивністю свиней (середньодобові прирости, вік досягнення живої маси 100 кг), проте достовірний вплив генотипу було встановлено тільки для поліморфізму гену *NRAMP1*.

У досліджуваному поголів'ї великої білої породи внутріпородного типу УВБ-3 не було зафіксовано достовірного впливу поліморфізму генів *FUT 1* та *NRAMP1* на вміст лейкоцитів, еритроцитів та гемоглобіну, що дає можливість проводити селекцію за даними генами не погіршуючи при цьому гематологічні показники.

Перспективи подальших досліджень полягають у створенні мікропопуляцій свиней з підвищеною резистентністю, та вивчення їх продуктивності за промислової технології утримання на більшому поголів'ї.

References

1. Bao, W. B., Ye, L., Zhu, J., Pan, Z. Y., Zhu, G. Q., Huang, X. G., & Wu, S. L. (2011). Polymorphism of M307 of the *FUT1* Gene and Its Relationship with Some Immune Indexes in Suta Pigs (Duroc× Meishan). *Biochemical Genetics*, 49 (9), 665–673. doi: 10.1007/s10528-011-9441-9

2. Bao, W. B., Ye, L., Zhu, J., Pan, Z. Y., Zhu, G. Q., Huang, X. G., & Wu, S. L. (2012). Evaluation of M307 of FUT1 gene as a genetic marker for disease resistance breeding of Sutaï pigs. *Molecular biology reports*, 39 (4), 4223–4228. doi: 10.1007/s11033-011-1208-1
3. Berezovskyi, M. D., Vashchenko, P. A., & Trotskiy, M. Ya. (2006). Hematolohichni pokaznyky svynei velykoi biloi porody vitchyznianoï i zarubizhnoi selektsii. *Bulletin of Poltava State Agrarian Academy*, 4, 171–173.
4. Devi, B., Laskar, S., Borah, P., Hussain, I., & Bharti, P. K. (2017). Sequencing and phylogenetic analysis of the SLC11A1 gene in pigs. *Journal of Applied Animal Research*, 45(1), 494–497. doi: 10.1080/09712119.2016.1218885
5. Fairbrother, J. M., & Nadeau, É. (2019). Colibacillosis. *Diseases of Swine*, 807–834. doi: 10.1002/9781119350927.ch52
6. Geraci, C., Varzandi, A. R., Schiavo, G., Bovo, S., Ribani, A., Utzeri, V. J., Galimberti, G., Buttazzoni, L., Ovilo, C., Gallo, M., Dall'Olio, S., & Fontanesi, L. (2019). Genetic markers associated with resistance to infectious diseases have no effects on production traits and haematological parameters in Italian large white pigs. *Livestock Science*, 223, 32–38. doi: 10.1016/j.livsci.2019.03.003
7. Golovko, V. O., Severin, R. V., Voitenko, R. V., Kochmarski, V. A., Ivanchenko, I. M., Gontar, A. M., & Kuzmenko, M. V. (2019). PRRS in the nozoprofile of infectious diseases in pigs in chornuhynsky district of poltava region. *Veterinary Science, Technologies of Animal Husbandry and Nature Management*, (3), 243–249 doi: 10.31890/vttp.2019.03.33
8. Grzhibovskij, A. M., Ivanov, S. V., & Gorbatova, M. A. (2017). *Korrelyacionnyj analiz dannyh s ispolzovaniem programmnoho obespecheniya Statistica i SPSS*. Nauka i zdavoohranenie, 1, 7–36. [In Russian].
9. Hesselager, M. O., Everest-Dass, A. V., Thaysen-Andersen, M., Bendixen, E., & Packer, N. H. (2016). *FUT1* genetic variants impact protein glycosylation of porcine intestinal mucosa. *Glycobiology*, 26 (6), 607–622. doi: 10.1093/glycob/cww009
10. Hlazko, V. Y., Shulha, E. V., Dyman, T. N., & Hlazko, H. V. (2001). DNK-tekhnologii i bioinformatika v reshenii problem byotekhnologii mlekopitaiushchykh. Belaya Tserkov: BSAU [In Russian].
11. Kay, Z. (2019). 6 most common pig diseases. Retrieved from: <https://www.wattagnet.com/articles/25841-most-common-pig-diseases-worldwide>
12. Kim, K., Nguyen, D. T., Choi, M., & Kim, J. H. (2013). Alpha (1,2)-fucosyltransferase M307A polymorphism improves piglet survival. *Animal Biotechnology*, 24, 243–250. doi: 10.1080/10495398.2013.776964
13. Kondrakhyn, Y. P. (2004). *Metody veterynarnoi klynycheskoi laboratornoi dyahnostyky*. Moskva, Kolos [In Russian].
14. Matsenko, O. V., Mogilyovskyy, V. M., Mitrofanov, O. V., Maslak, Y. V., Shchepetilnikov, Y. O., Pasechnik, V. A., & Furda, I. V. (2019). The complex scheme of prevention of gastrointestinal diseases of piglets in farm condition. *Veterinary Science, Technologies of Animal Husbandry and Nature Management*, 3, 144–153. doi: 10.31890/vttp.2019.03.20
15. NCBI GenBank (*Sus scrofa* isolate, T. J. Tabasco, breed Duroc, chromosome 15, Sscrofa11.1, whole genome shotgun sequence. Retrieved from: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_010457.5?report=genbank&from=120434100&to=120446396
16. Peakall, R., & Smouse, P. E. (2012). GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update. *Bioinformatics*, 28, 2537–2539. doi: 10.1093/bioinformatics/bts460
17. Regulation (EU) 2019/6 of the European Parliament and of the Council of 11 December 2018 on veterinary medicinal products and repealing Directive 2001/82/EC (Text with EEA relevance) ELI: Retrieved from: <http://data.europa.eu/eli/reg/2019/6/oj>
18. Richards, J. D., Gong, J., & de Lange, C. F. M. (2005). The gastrointestinal microbiota and its role in monogastric nutrition and health with an emphasis on pigs: Current understanding, possible modulations, and new technologies for ecological studies. *Canadian Journal of Animal Science*, 85 (4), 421–435. doi: 10.4141/a05-049
19. Rudoman, H. S., Balatsky, V. M., Nor, V. Y., & Vovk, V. O. (2017a). Zv'язok polimorfizmu 1849 G>C henu mutsyn 4 iz hospodarsko-korysnymy oznakamy svynei velykoi biloi porody. *Scientific and Technological Bulletin*, 117, 142–147. [In Ukrainian].

20. Sun, H. S., Wang, L., Rothschild, M. F., & Tuggle, C. K. (1998). Mapping of the natural resistance-associated macrophage protein 1 (NRAMP1) gene to pig chromosome 15. *Animal Genetics*, 29 (2), 138–140. doi: 10.1046/j.1365-2052.1998.00298.x
21. Tuggle, C. K., Marklund, L., Stabel, T. J., Mellencamp, M. A., & Stumbaugh, A. (2005). *United States Patent, 6844159B2*. Retrieved from: <http://ddr.nal.usda.gov/handle/10113/6983>
22. Tuggle, C. K., Schmitz, C. B., & Gingerich-Feil, D. (1997). Rapid communication: cloning of a pig full-length natural resistance associated macrophage protein (NRAMP1) cDNA. *Journal of Animal Science*, 75, 277. doi: 10.2527/1997.751277x
23. Vashchenko, P. A., Balatsky, V. M., Pocherniaev, K. F., Voloshchuk, V. M., Tsybenko, V. H., Saenko, A. M., Oliynychenko, Ye. K., Buslyk, T. V., & Rudoman H. S. (2019). Genetic characterization of the mirgorod pig breed, obtained by analysis of single nucleotide polymorphisms of genes. *Agricultural Science and Practice*, 6 (2), 47–57. doi: 10.15407/agrisp6.02.047
24. Vasilyeva, T. B. (2016). The monitoring of epizootic situation of colibacteriosis in Ukraine during 2004–2015. *Scientific Messenger of Lviv National University of Veterinary Medicine and Biotechnologies. Series: Veterinary Sciences*, 18 (66), 30–34. doi: 10.15421/nvlvet6607
25. Vlizlo, V. V., Fedoruk, R. S., & Ratych, I. B. (2012). *Laboratorni metody doslidzhen u biologii, tvarynnystvii ta veterynarnii medytsyni: dovidnyk*. Lviv: Spolom [In Ukrainian].
26. Walsh, P. S., Metzger, D. A., & Higuchi, R. (1991). Chelex 100 as a Medium for Extraction of DNA for PCR-Based Typing from Forensic Material. *BioTechniques*, 10, 506–509. doi: 10.2144/000114018
27. Wu, H., Cheng, D., & Wang, L. (2008). Association of polymorphisms of Nramp1 gene with immune function and production performance of Large White pig. *Journal of Genetics and Genomics*, 35 (2), 91–95. doi: 10.1016/S1673-8527(08)60014-4
28. Xiaoling, D., Xiaodong, Z., Yong, Y., Yueyun, D., Weiwei, X., Yun, M., Weihua, Z., & Zongjun, Y. (2014). Polymorphism, expression of natural resistance-associated macrophage protein 1 encoding gene (NRAMP1) and its association with immune traits in pigs. *Asian-Australas Journal of Animal Science*, 27, 1189–1195. doi: 10.5713/ajas.2014.14017
29. Yakubchak, O., Obshtat, S., Mukovoz, V., Karpulenko, M., & Gavrylenko, O. (2014). The analysis of the epizootic situation of infectious diseases of pigs in Ukraine. *Bulletin of Poltava State Agrarian Academy*, 3, 82–85. doi: 10.31210/visnyk2014.03.14 [In Ukrainian].
30. Yesina, E. V., & Shuleshko, O. O. (2018). Diahnostyka ta likuvannia khvorob svynei v hospodarstvakh Dnipropetrovskoi oblasti. *Bulletin of Sumy NAU. Series of Veterinary medicine*, 1, 284–289.

Стаття надійшла до редакції: 27.06.2022 р.

Бібліографічний опис для цитування:

Ващенко П. А., Сухно В. В. Гематологічні особливості свиней різних генотипів. *Вісник ПДАА*. 2022. № 3. С. 102–110.

© Ващенко Павло Анатолійович, Сухно Віталій Володимирович, 2022