

# Зв'язок поліморфізмів генів *ctsl* та *mc4r* з продуктивними якостями свиней великої білої породи

**Анотація.** Розглянуто особливості алелофонду генів *ctsl* та *mc4r* в різних популяціях свиней великої білої породи, проведено аналіз частот та розповсюдження різних генотипів. Вивчено зв'язок *g.143C>T* поліморфізму гена *ctsl* та *g.1426G>A* поліморфізму гена *mc4r* з відгодівельними та м'ясними якостями. Встановлено достовірні відмінності ( $P < 0.05$ ) за деякими з досліджених ознак.

**Ключові слова:** ген, *ctsl*, *mc4r*, поліморфізм, відгодівельні та м'ясні якості.

**Association of polymorphisms of gene *ctsl* and *mc4r* with the productive qualities of pigs of the Large White breed.** LYADSKIY Igor K., research worker, Institute of Pig Breeding and agroindustrial production of NAAS of Ukraine

**Abstract.** In the article it is considered peculiarities of the allelofund of gene *ctsl* and *mc4r* in different populations of pigs of the Large White breed, it was carried out the analysis of frequencies and distribution of different genotypes. It has been studied the association *g.143C>T* polymorphism of gene *ctsl* and *g.1426G>A* polymorphism of gene *mc4r* with fattening and meat qualities. Reliable differences ( $P < 0.05$ ) for some of researched sings were determined.

**Key words:** gene, *ctsl*, *mc4r*, polymorphism, fattening and meat qualities

**І. ЛЯДСЬКИЙ**, науковий співробітник  
Інститут свинарства і АПВ

Інтенсивність розвитку продуктивних ознак сільськогосподарських тварин визначається взаємодією багатьох факторів зовнішнього та внутрішнього середовища. Формування бажаного фенотипу – це реалізація генетичної інформації, тобто алельного стану генів, які визначають певні параметри майбутнього організму. Дослідження поліморфізмів, що можуть бути генетичними маркерами певних ознак продуктивності є необхідним завданням сучасної сільськогосподарської генетики.

До групи генів, що регулюють харчову поведінку і таким чином беруть участь у формуванні відгодівельних та м'ясних якостей свиней, належить ген рецептора меланокортину-4 (*mc4r*), різні алельні варіанти якого асоційовані з товщиною шпиків у різних порід свиней [4]. До цієї ж групи генів належить і ген катепсину L (*ctsl*), який згідно з дослідженнями, проведеними на свинях породи дюрк та італійської великої білої [2, 3] бере



участь у формуванні деяких продуктивних ознак.

Певна породоспецифічність впливу генів на розвиток продуктивних ознак сільськогосподарських тварин ускладнює їх використання в мар-

Таблиця 1

Зв'язок генотипів гена *ctsl* за *g.143C>T* поліморфізмом з відгодівельними та м'ясними якостями свиней великої білої породи.

Генотип	Продуктивна ознака				
	середньодобовий приріст, г.	товщина найдовшого м'яза спини, мм	товщина шпиків по середині спини, мм	товщина шпиків в ділянці 6-7 ребра, мм	вихід м'яса, %
CC	446,49±12,04*	38,42±1,69	15,76±0,97	21,18±0,98	53,08±0,98 <sup>a</sup>
CT	517,92±14,37*	30,37±2,38	19,91±3,49	25,69±2,77	46,53±3,55 <sup>a</sup>

Примітка: \*,<sup>a</sup> –  $p < 0,05$ , відповідно, критерій Фішера



керній селекції. Таким чином, дослідження зв'язку зазначених генів з розвитком продуктивних ознак у конкретній породі та популяції є необхідним етапом маркерної селекції.

**Метою даної роботи були популяційні дослідження спрямовані на визначення поліморфізмів *g.143C>T* гена *ctsl* та *g.1426G>A* гена *mc4r* та виявлення зв'язку різних генотипів вказаних генів з відгодівельними та м'ясними якостями в популяціях свиней великої білої породи України.**

Для її досягнення були поставлені наступні завдання: проаналізувати особливості алелофонду генів: *ctsl* (за поліморфізмом *g.143C>T*) та

*mc4r* (за поліморфізмом *g.1426G>A*) серед різних популяцій свиней великої білої породи, дослідити розповсюдженість різних генотипів генів *ctsl* та *mc4r* в популяціях свиней ВБ породи різних господарств України, встановити відмінності за продуктивними якостями у тварин з різними генотипами за цими поліморфізмами.

Дослідження проведені на поголів'ї свиней великої білої породи з 5 господарств України: АФ «Оржицька» Полтавської області (100 тварин), АФ «Україна» Полтавської області (22 тварини), АФ «Низи» Сумської області (29 тварин), АФ «Родючість» Сумської області (9 тварин) і АФ «Держжинець» Дніпропетровської області (15 тварин) вітчизняної та зарубіжної селекції.

Тварин оцінювали за інтегрованою методикою для ремонтного молодняку свиней [1]. Товщину

Зв'язок генотипів гена *mc4r* за *g.1426G>A* поліморфізмом з відгодівельними та м'ясними якостями свиней великої білої породи.

Генотип	Продуктивна ознака			
	середньодобовий приріст, г.	вік досягнення живої маси 100 кг, дні	товщина найдовшого м'яза спини, мм	вихід м'яса, %
AA	449,82±7,51*	217,68±4,31 <sup>a</sup>	39,55±1,02	52,28±0,65 <sup>b</sup>
AG	479,24±10,41*	202,08±7,17 <sup>a</sup>	41,77±1,38	51,99±0,95
GG	436,45±16,28	198,27±9,79	39,34±1,25	46,88±2,39 <sup>b</sup>

Примітка: \*, a, b –  $p < 0,05$ , відповідно, критерій Фішера

спинного сала вимірювали при досягненні тваринами живої маси 100 кг за допомогою ультразвукового пристрою PigLog 105 (SFK Technology, Данія) у трьох точках: на рівні 6-7 грудних хребців, посередині спини і в ділянці попереку. Фактичні дані, одержані в день вимірювання, були відкориговані на живу масу 100 кг з використанням попередньо розрахованих коефіцієнтів. Крім цього, тварини були порівняні за товщиною найдовшого м'яза спини, середньодобовими приростами, віком досягнення живої маси 100 кг і виходом м'яса.

ДНК виділяли з крові або щетини з використанням іонообмінної смоли Che1ex-100. Апельні варіанти генів *ctsl* та *mc4r* визначали за допомогою ампліфікації з використанням технології полімеразної ланцюгової реакції (ПЛР) та поліморфізму довжин рестриктних фрагментів (ПДРФ) за методикою, описаною L. Fontanesi [2] і K.S. Kim [5] зі співавторами. Електрофорез проводили в 1,5% агарозному гелі. Візуалізацію продуктів ампліфікації здійснювали після фарбування гелю за допомогою бромистого етидію та фотодокументацією на транслюмінаторі.

Одержані дані статистично обробляли з використанням програми «GenAlEx 6» [6]. Для визначення зв'язку різних генотипів з відгодівельними та м'ясними якостями був використаний однофакторний дисперсійний аналіз в середовищі Microsoft Excel (версія 2010).

Результати та обговорення. У популяціях свиней ВБ породи різних господарств України виявлено одонуклеотидні поліморфізми досліджених генів: *g.143C>T* гена *ctsl* та *g.1426G>A* гена *mc4r*.

Аналіз розподілу *g.143C>T* алелів гена *ctsl* серед досліджених популяцій встановив значну чисельну перевагу алелю С (від 0,93 до 1,00), який в середньому по вибірці зайняв 0,97. Відповідним чином це вплинуло і на розподіл різних генотипів:

СС (0,93) і СТ (0,07). Гомозиготи за алелем Т виявлені не були.

Через такий розподіл алелів поліморфізм, достатній для проведення подальших досліджень, був виявлений лише в популяції свиней ВБ породи з АФ «Оржицька» Полтавської області. Тому подальше порівняння тварин з різними генотипами гена *ctsl* за деякими ознаками продуктивності було проведено саме серед вказаної популяції (табл. 1).

Дослідження виявили достовірні ( $P < 0,05$ ) відмінності між тваринами з різними генотипами гена *ctsl* за *g.143C>T* поліморфізмом за такими ознаками продуктивності, як середньодобові прирости (15,99%) та вихід м'яса (14,09%). Також була розрахована сила впливу ( $D^2$ ) гена *ctsl* на вказані ознаки, що становить 18,7%.

Більшу генетичну різноманітність популяцій встановлено за *g.1426G>A* поліморфізмом гена *mc4r* (вміст алелю А у різних груп тварин коливався від 0,60 до 0,83). Поліморфність популяцій дала змогу виявити всі можливі апельні варіанти зазначеного гена: AA (0,58), AG (0,37), GG (0,05).

Аналіз зв'язку *g.1426G>A* поліморфізму гена *mc4r* по узагальненій вибірці виявив статистично достовірні відмінності ( $P < 0,05$ ) за наступними ознаками (табл. 2).

Тварини з генотипом (AG) характеризуються достовірно більшими середньодобовими приростами (на 6,54%) порівняно з гомозиготами (AA) із силою впливу ( $D^2$ ) зазначеного поліморфізму 11%. За виходом м'яса свині ВБ породи з генотипом (AA) на 11,54% перевищують гомозигот (GG). У даному випадку генотип гена *mc4r* впливає ( $D^2$ ) на 8,9%. Різниця у віці досягнення живої маси 100 кг становила 7,7% між тваринами з генотипом (AA) і гетерозиготами. Сила впливу ( $D^2$ ) *g.1426G>A* поліморфізму гена *mc4r* на цю ознаку дорівнює 7,1%.

## Висновки.

У популяціях свиней ВБ породи різних господарств України виявлено однонуклеотидні поліморфізми досліджених генів: g.143C>T гена *ctsl* та g.1426G>A гена *mc4r*. Найбільш значна частота зустрічання алелю Т за поліморфізмом g.143C>T гена *ctsl*, спостерігалася в популяції свиней ВБ породи з АФ «Оржицька» Полтавської області. Виявлено достовірні ( $P < 0,05$ ) відмінності між тваринами з різними генотипами генів *ctsl* та *mc4r* за середньодобовими приростами, віком досягнення живої маси 100 кг (бажаними є алелі Т гена *ctsl* та G гена *mc4r*), виходом м'яса (алелі С гена *ctsl* та А гена *mc4r*).

Вважаємо за доцільне рекомендувати використання g.143C>T та g.1426G>A поліморфізмів шляхом включення молекулярно-генетичних даних до селекційних індексів у поєднанні з класичними селекційними методами.

## ЛІТЕРАТУРА

1. Віллеке Х., Гетя А., Чуб О. Методика інтегрованої оцінки ремонтного молодняка свиней за власною продуктивністю в умовах господарства. // Сучасні методики досліджень у свиñarстві. – Полтава, 2005. – С. 38–40.
2. Fontanesi L., Speroni C., Buttazzoni L., et al. Association between *cathepsin L (CTSL)* and *cathepsin S (CTSS)* polymorphisms and meat production and carcass traits in Italian Large White pigs. // *Meat Science*. – Vol. 85. – 2010. – P. 331 – 338.
3. Fontanesi L., Speroni C., Buttazzoni L. et al. Association between polymorphisms in *cathepsin* and *cystatin* genes with meat production and carcass traits in Italian Duroc pigs: confirmation of the effects of a *cathepsin L (CTSL)* gene marker. // *Mol. Biol. Rep.* – Vol. 39. – 2012. – P. 109 – 115.
4. Kim K.S., Larsen N., Short T. et al. A missense variant of the porcine melanocortin 4 receptor (*MC4R*) gene is associated with fatness, growth, and feed intake traits. // *Mammalian Genome*. – 2000. – Vol. 11. – P. 131 – 135.
5. Kim K.S., Lee J.J., Shin H.Y., et al. Association of melanocortin 4 receptor (*MC4R*) and high mobility group AT-hook 1 (*HMG1*) polymorphisms with pig growth and fat deposition traits // *Animal Genetics*. – Vol. 37. – 2006. – P. 419–421.
6. Peakall R., Smouse P.E. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research // *Mol. Ecol. Notes*. – Vol. 6. – 2006. – P. 288– 295.

**О. ЧЕРЕМИСОВА,**  
**Н.КРАМАР,** кандидати с.-г. наук  
Дніпропетровський державний  
аграрний університет

Господарськи корисні ознаки (в т.ч. ріст і молочна продуктивність) сільськогосподарських тварин розвиваються під час онтогенезу і є результатом взаємодії спадкової основи, одержаної від батьків та умов навколишнього середовища. Слід підкреслити, що становлення фенотипу тварин відбувається, головним чином, на ранніх стадіях онтогенезу, а вирішальними неспадковими факторами, які зумовлюють досягнення певного рівня продуктивності і її довічну величину, є умови і режим господарського використання [5]. Для правильного ведення племінної роботи (для виведення високопродуктивних тварин) необхідно знати спадкову основу організму і ті закономірності розвитку, які, будучи залежними від умов утримання та вирощування, формують бажаний генотип.

Тривалий час у селекціонерів існувала неузгодженість щодо переважного впливу генотипу і середовища на продуктивність худоби. Між тим мінливість показників продуктивності є результатом взаємодії всіх генетичних і середовищних факторів. Успадковується не готова ознака, а певний тип реакції організму або інакше, норма реакції на умови життя [6]. Різні генотипи реагують неоднаково, оскільки розвиток спрямовується генами, дія яких проявляється лише за певних зовнішніх факторів. Нині ще недостатньо вивчено вплив ознак раннього онтогенезу на формування молочної продуктивності корів залежно від їх генотипу [1,2,4].

Вивчення впливу ознак раннього онтогенезу телиць на формування їхніх господарсько-корисних ознак залежно від генотипу дало підстави розв'язати наступні завдання:

дослідити ознаки раннього онтогенезу (тривалість утробного періоду, ембріональна швидкість росту, інтенсивність росту до трьох місяців, тип спаду росту до 12 місяців) залежно від умовної частки кровності вихідних порід;

вивчити рівень молочної продуктивності корів-первісток різних генотипів;

встановити ступінь впливу ознак раннього онтогенезу на формування господарсько-корисних ознак корів-первісток з різним генотипом шляхом проведення однофакторного дисперсійного аналізу.

Дослідження проводили на помісному поголів'ї з різною умовною часткою вихідних порід червоної степової і голштинської порід великої рогатої худоби у ВАТ «Племзавод Любомирівка» Верхньодніпровського району Дніпропетровської області за єдиною методикою аналізу даних масо-

Рецензент: докт. с.-г. наук, професор **П.П.Антоненко**  
(Дніпропетровський державний аграрно-економічний університет)