

Сасенко А.М., молодший науковий співробітник
Балацький В.М., кандидат біологічних наук
Інститут свинарства і агропромислового виробництва НААН

ЗВ'ЯЗОК ГЕНОТИПІВ ЗА ЛОКУСАМИ *ESR1*, *PRLR*, *GH* ТА *IGF2* З РЕПРОДУКТИВНИМИ ОЗНАКАМИ ТА ОКРЕМИМИ ПОКАЗНИКАМИ ВЛАСНОЇ ПРОДУКТИВНОСТІ СВИНОМАТОК ВЕЛИКОЇ БІЛОЇ ПОРОДИ ТИПУ УВБ-3

Рецензент – кандидат сільськогосподарських наук С.Г.Зінов'єв

Селекційний процес в свинарстві може бути значно ефективнішим, якщо для оцінки тварин та їх послідуєчого відбору і підбору крім традиційних підходів використовувати методи молекулярної генетики. Молекулярно-генетичний аналіз дозволяє виявити локуси геному тварини, які контролюють важливі господарські ознаки і розробити на основі їх поліморфізму генетичні маркери. Серед усіх відомих генетичних маркерів найбільшої популярності набули так звані SNP – маркери, природа яких пов'язана з одонуклеотидним поліморфізмом ДНК. Залучення SNP – маркерів до оцінки тварин і селекції передбачає перш за все аналіз їх поліморфізму та встановлення асоціації з ознаками продуктивності в конкретних породах, лініях і, навіть, популяціях, де ці маркери передбачається використовувати.

*Відомий цілий ряд локусів геному, для яких вже доведені суттєві асоціації з конкретними репродуктивними ознаками та відгодівельними і м'ясними якостями свиней. Такі локуси отримали назву локуси кількісних ознак QTL, (quantitative trait loci). Зокрема до них відносяться і ті, що досліджуються в нашій роботі: *ESR1*, *PRLR*, *GH* та *IGF2*. Але до останнього часу залишаються питання щодо ефективності використання цих QTL в маркерній селекції вітчизняних порід, ліній та популяції свиней. Відомі дослідження щодо вітчизняних генотипів свиней мають фрагментарний і часто суперечливий характер. Тому аналіз окремих стад щодо поліморфізму цих маркерів та їх зв'язку з продуктивними ознаками є актуальним і буде мати суттєве практичне значення.*

*В результаті проведених дослідів вперше був зроблений аналіз зв'язку між поліморфізмом гену *GH* поліморфного *BsuRI*-сайту рестрикції і репродуктивними ознаками та показниками власної продуктивності та виявлено зв'язок між генотипами гена *GH* з окремими репродуктивними ознаками свиноматок великої білої породи типу УВБ-3, що належали ПрАТ "БАС" Донецька обл., Артемівський р-н., с. Новолуганське.*

*Не виявлено статистично вірогідних зв'язків між генотипами та відповідними продуктивними ознаками у мікропопуляції свиноматок УВБ-3 за локусами генів *ESR1*, *PRLR* та *IGF-2*.*

*За локусами генів *ESR1* та *PRLR* спостерігається тенденція щодо збільшення середньої кількості народжених та живих поросят в гнізді свиноматок з генотипом *BB* за локусом *ESR1* та збільшення середньої маси одної поросяти в гнізді свиноматок з генотипом *AA* за локусом *PRLR*. Також відмічена тенденція до збільшення віку досягнення 100 кг. та зменшення таких показників, як довжина тулуба і товщина шпигу у свиноматок з гетерозиготним генотипом *GH* -/+.*

*Ключові слова: маркерна селекція, ДНК-маркери, одонуклеотидний поліморфізм, велика біла порода свиней, *ESR1*, *PRLR*, *GH* та *IGF2* локуси.*

Селекційний процес у свинарстві може бути значно ефективнішим, якщо для оцінки тварин та їх послідуєчого відбору і підбору крім традиційної оцінки особин за

власною продуктивністю та якістю потомства використовувати нові підходи, які базуються на досягненнях молекулярної генетики. Молекулярно-генетичний аналіз дозволяє виявити локуси геному тварини, які контролюють важливі господарські ознаки і розробити на основі їх поліморфізму ДНК маркери. За їх допомогою можна перейти до оцінки тварин на генному рівні, за принципом від гена до ознаки.

ДНК – маркери є найбільш інформативними і точними за всі інші відомі типи генетичних маркерів: цитологічні, імунологічні, біохімічні. Розроблено досить багато їх типів, та найперспективнішими ДНК маркерами є ті, що засновані на виявленні однонуклеотидного поліморфізму (SNP) в регуляторних або структурних частинах генів, які відповідають за прояв господарсько-важливих продуктивних ознак і належать до локусів кількісних ознак – QTL (quantitative trait loci). Відомий цілий ряд QTL генів, для яких вже доведені суттєві асоціації з конкретними репродуктивними, відгодівельними і м'ясними якостями свиней, зокрема до них відносяться і ті, що досліджуються в нашій роботі: гени рецептора естрогену 1 (*ESR1* – oestrogen receptor gene 1) [1], рецептора пролактину (*PRLR* – prolactin receptor gene) [2], гормону росту (*GH* – growth hormone gene) [3] та інсуліноподібного фактора росту 2 (*IGF2*, insulin-like growth factor 2) [4]. Але до останнього часу залишаються питання щодо ефективності використання зазначених маркерів в різних породах, лініях та популяціях свиней. Більш того в окремих випадках результати щодо визначення їх асоціації з продуктивними ознаками мають суперечливий характер. Щодо практичної площини, впровадження маркерної селекції потребує визначення сили зв'язку генетичних маркерів з продуктивними ознаками в конкретних популяціях тварин.

В Україні, на даний час, проводяться дослідження з ДНК-маркерування за SNP, але що до вказаних локусів вітчизняні породи свиней вивчені недостатньо, аналіз генетичної структури порід виконано лише фрагментарно, асоціативний аналіз проведено в окремих групах тварин.

Так, наприклад, в роботах вітчизняних дослідників є інформація щодо типування свиней за окремими генами локусів кількісних ознак включно і за тими генами, що досліджуються в нашій роботі: *ESR1*, *PRLR*, *GH* та *IGF2*. Проте, слід зазначити, що більше уваги надається проведенню досліджень за генами *ESR1* та *PRLR* [5-8], які відповідають за прояв репродуктивних ознак та зустрічаються лише поодинокі дослідження в яких аналізуються гени *GH* та *IGF2*, що відповідають за відгодівельні ознаки [9, 10]. У роботах зарубіжних дослідників інформації про зв'язок вище вказаних генів з продуктивними ознаками свиней значно більше [11-27], що дає змогу проводити ефективну селекційну роботу у свинарстві за допомогою ДНК-маркерів кількісних ознак.

Отже, відомі результати щодо вітчизняних генотипів свиней мають фрагментарний і в окремих випадках суперечливий характер. Тому аналіз окремих стад щодо поліморфізму цих маркерів та їх зв'язку з продуктивними ознаками є актуальним і буде мати суттєве практичне значення.

Метою роботи був аналіз зв'язків між генотипами за локусами *ESR1*, *PRLR*, *GH* та *IGF2* і репродуктивними ознаками та показниками власної продуктивності свиноматок великої білої породи типу УВБ-3 для впровадження маркерної селекції в стаді племзаводу Приватного акціонерного товариства “Бахмутська Аграрна Спілка”.

Матеріали і методи. Дослідження проводили на 100 головах свиноматок внутрішньопородного типу 3 великої білої породи (УВБ-3), що належали приватному акціонерному товариству “Бахмутська Аграрна Спілка” Донецька обл., Артемівський р-н., с. Новолуганське. Визначали репродуктивні ознаки свиноматок (враховували дані 2-4 опоросів), та окремі показники їх власної продуктивності. Біоматеріал (кров) для ДНК типування відбирали з крайової вухної вени.

Виділення ДНК проводили сольовим методом [29]. Отримані препарати ДНК зберігали при -20°C.

Полімеразну ланцюгову реакцію (ПЛР) проводили на термоциклері “Терцик -2” (ДНК – технологія, Росія). ПЛР та рестриктивний аналіз за локусами: *IGF2*, *PRLR*, *GH* та *ESR1* здійснювали, згідно рекомендацій [1, 2, 3, 4]. Суміш рестрикційних фрагмен-

тів аналізували за допомогою електрофорезу у 8% поліакриламідному гелі. Розміри отриманих рестриктів визначали за допомогою маркера молекулярної маси *pBR322/BsuRI*. Параметри ПЛР- ампліфікації та ПЛР-ПДРФ патерни представлені у таблиці 1.

1. Параметри ПЛР- ампліфікації та ПЛР-ПДРФ патерни

Гени	Структура праймерів и TagMap зразків для ПЛР	ПЛР ¹	ПЛР-ПДРФ патерни
<i>ESR1</i>	F:CCTGTTTTTACAGTGACTTTTTACAGAG R:CACTTCGAGGGTCAGTCCAATTAG	120/55	ПЛР-ПДРФ (<i>PvuII</i>): алель А 120 п.н.; аллель В 65 + 55 п.н.
<i>RPLR</i>	F: CCCAAAACAGCAGGAGGACG R: GGCAAGTGGTTGAAAATGGA	457/60	ПЛР-ПДРФ (<i>AluI</i>): алель А 124+90+79+77+67+20 п.н.; аллель В 124+110+79+77+67 п.н.
<i>GH</i>	F: ACCGGCTGTGATGGCTGCAGGCAA R: GGTGGGCGCCTTCCCAGCCATGCCCTT	341/68	ПЛР-ПДРФ (<i>BsuRI</i>): алель + 80+78+75+60+31+17 п.н.; аллель – 80+78+75+60+48 п.н.
<i>IGF2</i>	F: AGACTCTGTGCGGCGGGGAGCT R: CGAGTGCGGTCCCCAATGGAT	1600/70	ПЛР-ПДРФ (<i>BcnI</i>): алель А 900 + 450 + 250 ² п.н.; аллель В 800 + 450 + 250 ² п.н.

¹Розмір ПЛР продуктів (п.н.)/температура відпалу (°C)

²Сумарний розмір дрібних фрагментів рестрикції

Статистичну обробку даних виконували з використанням алгоритмів однофакторного дисперсійного аналізу у середовищі Microsoft Office Excel 2010.

Результати й обговорення. Основні результати досліджень представлені в таблиці 2. У дослідженій вибірці свиней великої білої породи (тип УВБ 3) встановлений зв'язок між середньою кількістю (за 2-4 опоросом) народжених та живих поросят в гнізді та генотипами свиноматок за локусом *GH*. У свиноматок з генотипом *GH* -/- в гнізді було на 0,46 і 1,8 поросяти більше ніж у свиноматок з генотипом *GH* +/+ та *GH* +/-, відповідно. Також у свиноматок з генотипом *GH* +/- було більше живих поросят на 2,09 ніж у свиноматок з генотипом *GH* -/-. Тварини з генотипами *GH* +/+ і *GH* -/- за цим показником не відрізнялися. Інших статистично підтверджених зв'язків *GH* локусу з визначеними показниками продуктивності не виявлено. Необхідно відмітити тенденцію до збільшення віку досягнення 100 кг. в середньому на 5,7 днів та зменшення таких показників, як довжина тулуба в середньому на 1,76 см. і товщина шпику в середньому на 0,92 мм. у свиноматок з генотипом *GH* +/- в порівнянні з тваринами з генотипами *GH* +/+ і *GH* -/-.

За локусами *ESR1*, *PRLR* та *IGF-2* статистично вірогідних зв'язків з дослідженими показниками продуктивності не виявлено. Але у даному випадку також спостерігається тенденція до збільшення середньої кількості народжених та живих поросят в гнізді свиноматок з генотипом ВВ за локусом *ESR1* та збільшення середньої маси однієї поросяти в гнізді свиноматок з генотипом АА за локусом *PRLR*.

Визначалася сила впливу (η^2) кожного з локусів *GH*, *ESR1*, *PRLR*, *IGF-2* на репродуктивні ознаки та показники власної продуктивності свиноматок УВБ-3. Показник η^2 показує відсоток сили впливу окремого локусу гена від загальної сили впливу інших локусів генів, що приймають участь у прояві даної ознаки. За локусами *ESR1*, *PRLR*, *IGF-2* виявлені невеликі значення коефіцієнту η^2 щодо репродуктивних ознак та показників власної продуктивності свиноматок, які коливалися від 2,95 до 4,89. Інша ситуація спостерігалася щодо локусу *GH* у відношенні до показників середньої кількості народжених та у т. ч. живих поросят, η^2 було 7,10 і 12,95, відповідно.

2. Зв'язок генотипів за локусами *ESR1*, *PRLR*, *GH*, *IGF-2* з репродуктивними ознаками та показниками власної продуктивності свиноматок УВБ-3 із зазначенням сили впливу на прояв ознак

Показники продуктивності	<i>ESR1</i>			$\eta^2, \%$	р-значення
	$X \pm Sx$	$X \pm Sx$	$X \pm Sx$		
	(<i>ESR1</i> AA)	(<i>ESR1</i> AB)	(<i>ESR1</i> BB)		
В середньому по 2-4 опоросах народилося поросят, гол.	12,26±0,29	12,70±0,63	13,78±0,49	4,89	0,10
В середньому у т. ч. живих поросят по 2-4 опоросах, гол.	11,40±0,30	10,81±0,46	12,2963±0,30	4,18	0,14
Середня маса 1-го поросяти по 2-4 опоросах, кг	19,68±0,17	19,86±0,18	19,88±4,95	4,27	0,78
Жива маса свиноматки, кг	186±0,99	187±1,69	189,5±1,69	2,95	0,14
	<i>PRLR</i>				
	$X \pm Sx$	$X \pm Sx$	$X \pm Sx$		
	(<i>PRLR</i> AA)	(<i>PRLR</i> AB)	(<i>PRLR</i> BB)		
Середня маса 1 ї поросяти, кг	22,92±3,21	19,78±0,25	19,25±0,11	3,07	0,24
	<i>GH</i>				
	$X \pm Sx$	$X \pm Sx$	$X \pm Sx$		
	(<i>GH</i> +/-)	(<i>GH</i> +/-)	(<i>GH</i> -/-)		
В середньому народилося поросят, гол.	12,60±0,41	11,26±0,29	13,06±0,35	7,10	0,003**
В середньому у т. ч. живих поросят, шт	11,82±0,42	9,72±0,39	11,81±0,27	12,95	0,038*
В середньому маса гнізда, кг	186,13±7,61	168,48±9,08	185,17±5,72	2,50	0,31
Довжина тулуба свиноматки, см	148,89±0,77	146,22±0,77	147,07±0,47	5,46	0,079
Товщина шпигу свиноматки, мм	18,42±0,18	17,06±0,38	17,54±0,24	4,99	0,099
Вік досягнення свиноматкою 100 кг, дні	182,47±2,98	186,06±4,27	178,25±1,45	5,51	0,078
	<i>IGF-2</i>				
	$X \pm Sx$	$X \pm Sx$	$X \pm Sx$		
	(<i>IGF-2</i> AA)	(<i>IGF-2</i> AB)	(<i>IGF-2</i> BB)		
Жива маса свиноматки, кг	187,5±1,85	188,94±1,29	185,77±1,00	3,76	0,17
Довжина тулуба свиноматки, см	145,25±1,34	147,97±0,62	147,03±0,47	2,59	0,29

Критерій достовірності: ** $p \leq 0,01$, * $p \leq 0,05$

Таким чином, сумуючи вище викладені результати, слід підкреслити, що в нашій роботі вперше був проведений аналіз зв'язку між поліморфізмом гену *GH* поліморфного BsuRI-сайту рестрикції і певною господарською ознакою. Ми отримали данні, що свідчать про дещо більшу силу впливу гену *GH* на усі обрані показники продуктивності. Слід зазначити, що ген гормону росту є одним з найважливіших ендогенних факторів, що стимулює ріст і розвиток тварин, впливає на всі види обміну речовин. Алельні варіації в різних частинах гена гормону мають важливе значення з погляду їхнього впливу на показники продуктивності тварин. Ген гормону росту безпосередньо зв'язаний з великою групою генів і, в тому числі, з тими, що ми досліджуємо. Цим можна пояснити його тісний зв'язок з репродуктивними ознаками та, вочевидь, передбачити існування міжлокусних асоціацій *GH-ESR1* та *GH-PRLR*.

Згідно ряду робіт [20, 21, 28] відомо, що локус *IGF-2* асоційований з м'ясними якостями свиней (доля м'язової тканини, відкладення жиру та ін.). Вочевидь тому в

наших дослідженнях не були виявлені статистично вірогідні зв'язки з обраними показниками.

У випадку з локусами *ESR1* і *PRLR*, у яких виявлені близькі до статистично вірогідного значення, не останню роль має величина вибірки тварин. Наші попередні дослідження [4] проведені на більшому поголів'ї свиноматок характеризувалися статистично вірогідними відмінностями між групами тварин з різними генотипами.

Висновки. У результаті проведених досліджень виявлено зв'язок між генотипами гена *GH* з середньою кількістю (за 2-4 опоросом) народжених та живих поросят в гнізді у свиноматок великої білої породи типу УВБ-3.

Не виявлено статистично вірогідних зв'язків між генотипами за локусами генів *ESR1*, *PRLR* та *IGF-2* та продуктивними ознаками в стаді свиноматок УВБ-3.

Спостерігається тенденція щодо збільшення середньої кількості народжених та живих поросят у гнізді свиноматок з генотипом ВВ за локусом *ESR1* та збільшення середньої маси однієї поросяти в гнізді свиноматок з генотипом АА за локусом *PRLR*. Також відмічена тенденція до збільшення віку досягнення 100 кг. та зменшення таких показників, як довжина тулуба. і товщина шпику, у свиноматок з гетерозиготним генотипом *GH* +/-.

Перспективи подальших досліджень. На основі даних нашої роботи можливо відбирати особин з бажаними алелями локусів *ESR1*, *PRLR* та *GH* для отримання очікуваного ефекту за репродуктивними ознаками та показниками власної продуктивності. Доцільно у перспективі провести подібні дослідження на інших породах і лініях свиней для впровадження ефективної маркерної селекції, що в кінцевому рахунку буде мати значний економічний ефект.

БІБЛІОГРАФІЯ

1. Short H.T., Rothschild F. M. Effect of the Estrogen Receptor Locus on Reproduction and Production Traits in Four Commercial Pig Lines // J. Anim. Sci. 1997. 75:3138–3142.
2. Arkadiusz Terman, Marek Kmiec Associations between the prolactin receptor gene polymorphism and reproductive traits of boars // J Appl Genet 47(2), 2006, pp. 139–141.
3. Балацкий В.Н. Полиморфный BsuRI – сайт рестрикции гена гормона роста свиньи/ В.Н.Балацкий, К.Ф.Почерняев // Цитология и генетика. – 1995. – Т. 29, №1. – С. 45-48.
4. Knoll A, Putnova L, Dvorak J, Cepia S. A *Nci* I PCR-RFLP within intron 2 of the porcine insulin-like growth factor-2 (IGF2) gene J. Anim. Genet. 31 (2000) 150-151
5. С.О. Костенко. Генетична структура української популяції свиней породи велика біла за геном естроген-рецептора / О.М. Коновал, С.О. Костенко та ін. // Доповіді Національної академії наук України. – 2008. – №3.- С. 149 – 151.
6. С.О.Костенко. Моніторинг великої білої породи за генами господарсько-корисних ознак / Костенко С.О., Коновал О.М., Драгулян М.В., Сидоренко О.В., Россоха Л.В. // Науково-технічний бюлетень ІТ НААН – №109. – С. 151-159.
7. С.О.Костенко. Особливості поліморфізму генів *ESR*, *NCOA1*, *PRLR*, *FSHR* у свиней різних порід / Костенко С. О., Драгулян М. В., Сидоренко О. В.// Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва . – 2013. – Вип. 9. – С. 23-29.
8. Балацкий В.М., Саенко А.М., Гришина Л.П. Полиморфизм локуса рецептора эстрогена 1 в популяциях свиней разных генотипов и его ассоциация с репродуктивными признаками свиноматок крупной белой породы // Цитология и генетика. – 2012. 4, С. 48-54.
9. Балацкий В.Н. Генетический полиморфизм соматотропина и ассоциация его аллелей с количественными признаками животных // Сельскохозяйственная биология 1998, №4, с. 43-53.
10. <http://www.stattionline.org.ua/agro/43/4096-minlivist-gena-insulinopodibnogofaktora-rostu-u-svinej-velikoj-biloj-porodi.htm>
11. Rothschild M., Jacobson C., Vaske D., Tuggle C., Wang L., Short T., Eckardt G., Sasaki S., Vincent A., McLaren D., Southwood O., van der Steen H., Mileham A. and Plastow

G. The estrogen receptor locus is associated with a major gene influencing litter size in pigs // Proc. Natl. Acad. Sci. USA – 1996. – 93.- P. 201-205.

12. Chen K.F., Huang L.S., Li N, et al. The genetic effect of estrogen receptor (ESR) on litter size traits in pig // Yi Chuan Xue Bao.- 2000.- 27.- P. 853-857

13. Isler B.J., Urvin K.M., Neal S.M., Moeller S., Davis M. Examination of the relationship the estrogen receptor gene and reproductive traits in swine //J. Anim. Sci.-2002.-80.- P. 2334-2339.

14. van Rens B.T.T.M., de Groot P.N., Van der Lende T. The effect of estrogen receptor genotype on litter size and placental traits at term in F2 crossbred gilts // Theriogenology.- 2002.- 57.- P. 1635-1649.

15. Horogh G., Zsolnai A., Komiosi I., et al. Oestrogen receptor genotypes and litter size in Hungarian Large White pigs // J. Anim. Breed. Genet. – 2005.- 122.- P. 56-61.

16. Putnova L., Knoll A., Dvorak J. and Cepika S. A new HpaII PCR-RFLP within the porcine prolactine receptor (PRLR) gene and study of its effect on litter size and number of teats // Journal of Animal Breeding and Genetics. 2002, 119, №1, 57-63.

17. Terman A. Effect of the polymorphism of prolactine receptor (PRLR) and leptin (LEP) genes on litter size in Polish pigs. Journal of Animal Breeding and Genetics, 2005, 122, №6, 400-406.

18. Kmiec M., Terman A. Associations between the prolactin receptor gene polymorphism and reproductive traits of boars // J. Appl. Genet. – 2006. – Vol. 47. – № 2. – P. 139–141

19. Franco M. M., Antunes R.C., Silva H. D., Goulart L.R. Association of PIT, GH and GHRH polymorphisms with performance and carcass traits in Landrace pigs // J. Appl. Genet. 2005., 46(2), p. 195-200.

20. de Faria D.A., Guimaraes S.E.F., Lopes P.S., Pires A.V., Paiva S.R., Sollero B.P., Wenceslau A.A. Association between G316A growth hormone polymorphism and economic traits in pigs// Genetics and Molecular Biology, 2006, V. 29, N.4, P. 634-640.

21. R. Biziene, I. Miceikiene, L. Baltreinaite, N. Krasnopiorova. Association between growth hormone gene polymorphism and economic traits in pigs. 2011. Veterinarija ir zootechnika T. 56 (78), p. 27-31.

22. Kolarikova O., Putnova L., Urban T., Adamek J., Knoll Ales, Dvorak J. Association of the IGF2 gene with growth and meat efficiency in Large White pigs. J. Appl. Genet. 4(44), 2003, p. 509-513.

23. Vykoukalova Z., Knoll A., Dvorak J. & Cepica S. New SNPs in the IGF2 gene and association between this gene and backfat thickness and lean meat content in Large White pigs. Journal of Animal Breeding and Genetics, 2006, 123, 204-207.

24. Anne-Sophie Van Laere, Minh Nguyen, Martin Braunschweig, Carine Nezer, Catherine Collete, Lourence Moreau, Alan L. Archibald, Chris S. Haley, Nadine Buys, Michael Tally, Goran Andersson, Michel Georges & Left Andersson. A regulatory mutation in IGF2 causes a major QTL effect on muscle growth in the pig. 2003. Nature, v. 425, p. 832-436.

25. Anne-Sophie Van Laere, From QTL to QTN. Identification of a Quantitative Trait Nucleotide Influencing Muscle Development and Fat Deposition in Pig. Doctoral thesis. Swedish University of Agricultural Sciences // Uppsala. – 2005.

26. Yu D.B., Zhang W.F., Jia XX, Qiu X.S., Wang L.Y., Huang R.H., Liu H.L. The genetic effects of IGF2 gene intron3 variance in pigs. Yi Chuan., 2008, 30 (1), 87-93.

27. <http://earthpapers.net/vliyanie-polimorfizma-genov-mc4r-igf2-i-pou1f1-na-produktivnye-kachestva-sviney>

28. Соколов Б.П. Выделение высокомолекулярной еукариотической ДНК с использованием ацетата калия / Б.П. Соколов, В.В.Джемелинский // Молекулярная генетика, микробиология и вирусология.- 1989.-№6.-С.45-46.

Саенко А.М., Балацкий В.Н. *Связь генотипов по локусам ESR1, PRLR, GH и IGF2 с репродуктивными признаками и отдельными показателями собственной продуктивности свиноматок внутривидового типа 3*

Селекционный процесс в свиноводстве может быть значительно эффективнее, если для оценки животных и их последующего отбора, и подбора помимо традиционных подходов использовать методы молекулярной генетики. Молекулярно-генетический анализ позволяет выявить локусы генома животного, которые контролируют важные хозяйственные признаки и разработать на основе их полиморфизма генетические маркеры. Среди всех известных генетических маркеров наибольшую популярность в последние годы получили так называемые SNP – маркеры, природа которых связана с однонуклеотидным полиморфизмом ДНК. Привлечение SNP – маркеров к оценке животных и селекции предполагает, прежде всего, анализ их полиморфизма и установление ассоциации с признаками продуктивности в конкретных породах, линиях и даже популяциях, где эти маркеры предполагается использовать.

Известен целый ряд локусов генома, для которых уже доказаны существенные ассоциации с конкретными репродуктивными и откормочными признаками, а также мясными качествами свиней. Такие локусы получили название локусов количественных признаков (QTL, quantitative trait loci). В частности, к ним относятся и те, которые исследуются в нашей работе: ESR1, PRLR, GH и IGF2. Но до последнего времени остаются вопросы относительно эффективности использования этих QTL в маркерной селекции отечественных пород, линий и популяций свиней. Известные исследования по отечественным генотипам свиней имеют фрагментарный и в отдельных случаях противоречивый характер. Поэтому анализ отдельных стад по полиморфизму этих маркеров и поиск связи с продуктивными признаками является актуальным и будет иметь существенное практическое значение.

В результате проведенных опытов впервые был проведен анализ связи между полиморфизмом гена GH полиморфного BsuRI сайта рестрикции с репродуктивными признаками и показателями собственной производительности, и выявлена связь между генотипами гена GH с отдельными репродуктивными признаками свиноматок крупной белой породы типа УКБ-3. Не выявлено статистически достоверных связей между генотипами и соответствующими продуктивным признакам в микропопуляции свиноматок УКБ-3 по локусам генов ESR1, PRLR и IGF-2.

По локусам генов ESR1 и PRLR наблюдается тенденция увеличения среднего количества рожденных и живых поросят в гнезде свиноматок с генотипом BB по локусу ESR1 и увеличение средней массы первого поросенка в гнезде свиноматок с генотипом AA по локусу PRLR. Также отмечена тенденция к увеличению возраста достижения 100 кг. и уменьшения таких показателей, как длина туловища и толщина шпика, у свиноматок с гетерозиготным генотипом GH +/-. Ключевые слова: маркерная селекция, ДНК-маркеры, однонуклеотидный полиморфизм, крупная белая порода свиней, ESR1, PRLR, GH локусы.

A.M.Saienko, V.N.Balatsky. *Communication genotype loci ESR1, PRLR, GH and IGF2 with reproductive traits and individual indexes own productivity in sows interbreed type 3.*

In pig, breeding process can be much more effective if to assess the animals and their subsequent selection, and selection in addition to traditional approaches use methods of molecular genetics. Molecular genetic analysis reveals loci of the genome of an animal that control important economic traits and develop based on their polymorphism genetic markers. Among all the known genetic markers of the most popular in recent years received a so-called SNP -marker, the nature of which is associated with

a single nucleotide polymorphism DNA. Attracting SNP – markers for the evaluation and selection of animals involves primarily an analysis of polymorphism and the establishment of associations with signs of productivity in specific breeds, lines and even populations where these markers will be used.

Known for a number of loci of the genome, which has already proved significant association with specific reproductive and feeding characteristics and meat qualities of pigs. These loci are called quantitative trait loci (QTL, quantitative trait loci). In particular, these include those that are studied in this paper: ESR1, PRLR, GH and IGF2. However, until recently, questions remain about the effectiveness of the use of these QTL in marker selection of domestic breeds, lines and swine populations. Known research on domestic genotypes pigs have fragmented and in some cases contradictory. Therefore, the analysis of individual stocks polymorphism of these markers, and search for connection with production traits is relevant and will have a significant practical importance.

As a result of experiments, the first time an analysis of the relationship between gene polymorphism GH BsuRI polymorphic restriction site with reproductive traits and performance indexes of their own, and found an association between genotypes GH gene with individual reproductive traits of sows of large white breed type ULW-3.

There were no statistically significant relationships between genotypes and corresponding production traits in sow's micropopulation ULW-3 gene loci ESR1, PRLR and IGF-2.

ESR1 gene loci and PRLR trend increase in the average number of births and live pigs in the litter with genotype BB ESR1 locus and an increase in the average weight of a one pig with the AA genotype at locus PRLR of sows. Also, there was a trend to an increase in the age of reaching 100 kg. and reduction of indexes such as the length of the torso. and the thickness of the bacon, sows with heterozygous genotype GH +/-.

Key words: marker selection, DNA markers, single nucleotide polymorphisms, Large White pigs, ESR1, PRLR, GH loci.

УДК 636,4:636.084

Скарєднов Д.Ю., аспірант*
Полтавська державна аграрна академія

ВІДГОДІВЕЛЬНІ ТА ЗАБІЙНІ ЯКОСТІ МОЛОДНЯКА СВИНЕЙ ЗА УМОВ ВИКОРИСТАННЯ ПРОДУКТУ ПОГЛИБЛЕНОЇ ГІДРОТЕРМІЧНОЇ ОБРОБКИ СОЇ

Рецензент – кандидат біологічних наук О.Ф.Сагло

Наведені результати досліджень по вивченню впливу продукту поглибленої гідротермічної обробки (ПГО) сої з послідуєчим експандуванням на відгодівельні та забійні якості помісного молодняка свиней миргородської породи з ландрасом та терміналом. Отримані результати вказують на те, що використання в раціоні свиней продукту ПГО сої з послідуєчим експандуванням в кількості 17% по масі в порівнянні з макухою та шротом соєвим забезпечило високі відгодівельні та забійні якості свиней – середньодобові прирости становили 770 г проти 672 г контролю (+14,6%, $P \leq 0,05$ по відношенню до контролю), при цьому термін досягнення живої маси 100 кг скоротився на 11 діб, що сприяло підвищенню оплати корму на 1 кг приросту. Отримані дані по забійним якостям свиней констатують факт значного покращення забійних якостей

* Науковий керівник – доктор сільськогосподарських наук, професор А.А. Поліщук