

insulin-like growth factor 2 (IGF2), ryanodine receptor1 (RYR1), the estrogen receptor (ESR1), the prolactin receptor (PRLR), the CTSL, CTSS, CTSK cathepsins, MC4R melanocortin receptor, GHRH and leptin receptor releasing factor (LEPR) genes. It is observed that along with positive results of introducing MAS in pig production, there are also negative effects. The reasons for the negative effects are mainly caused by the substantiated choice of molecular genetic markers for MAS. This might be done due to the lack of analysis of the genetic structure of the populations under study by marker genes and the evaluation of their polymorphism and informative marker, also because the refusal to perform assisted analysis using reference herds. Based on the results of population and assisted studies, a methodology has been developed and presented for the use in MAS of molecular genetic information obtained as a result of the analysis of these genes in populations of pigs of different breeds of productivity: Large White (English Large White, Ukrainian Large White of intrabreed types ULW-1, ULW-3), Large Black, Landrace, Poltava meat, Ukrainian Steppe White, Mirgorod, Ukrainian steppe spotted, Pietren and Meishan. The methodology provides the realization of several stages: 1) the determination of the panel of molecular-genetic markers of QTL genes; 2) analysis of the genetic structure of the breed or its subpopulations in which MAS should be performed, based on selected molecular genetic markers, an evaluation of their polymorphism and normativity; 3) the creation of an experimental group of animals for assisted analysis; 4) carrying out assisted analysis; 5) the choice of molecular-genetic markers for MAS based on the results of population and assisted analysis; 6) monitoring the genetic structure of populations in the process of conducting MAS in a number of generations.

Key words: marker-assisted selection, molecular-genetic markers, QTL, population and assisted analysis, methodology.

УДК 636.4:636.082:575.827

ПОШИРЕННЯ МУТАНТНОГО АЛЕЛЮ Т ГЕНУ RYR1 У ПОРОДАХ СВИНЕЙ ВІТЧИЗНЯНОЇ ТА ЗАКОРДОННОЇ СЕЛЕКЦІЇ

Рудоман Г. С., здобувач

Балацький В. М., кандидат біологічних наук

Саєнко А. М., кандидат сільськогосподарських наук

Інститут свинарства і агропромислового виробництва НААН

36013 м. Полтава, вул. Шведська Могила, 1

rudoman.halyna@gmail.com

Здійснено дослідження поліморфізму g.1843C>T гену RYR1, асоційованого із синдромом стресу свиней. Проводився аналіз семими порід свиней і внутрішньопородних типів, які розводяться в Україні: велика біла порода української селекції, внутрішньопорідний тип 1, велика біла порода української селекції, внутрішньопорідний тип 3, велика біла порода англійської селекції, полтавська м'ясна, ландрас, миргородська і червона білопояса. Оскільки однонуклеотидна заміна g.1843C>T в RYR1-гені асоційована з підвищеною м'ясністю туш а також обумовлює виникнення стрессиндому, проблема відбору свиней, особливо м'ясного напрямку продуктивності, генетично стійких до стресів за допомогою методів молекулярної генетики є актуальною і на сьогодні. Для генотипування був використаний біоматеріал (кров, шерсть із волосяними фолікулами) від свиней із десяти племінних господарств України. Встановлена присутність тварин-носіїв мутантного алелю Т серед порід миргородська, ландрас, червона

білопояса, полтавська м'ясна та велика біла української селекції, внутрішньо-порідний тип 3. Наявність алелю *T* асоціюється з напрямом продуктивності досліджених порід. Адаже м'ясні породи, ландрас, полтавська м'ясна та червона білопояса, в субпопуляціях яких присутній алель *T* та генотип *CT*, а у породах універсального та сального типу продуктивності – велика біла і миргородська, де мутантний алель не знайдено або він наявний за низької частоти. Згідно результатів проведеного генотипування, існує доцільність проводити подальше ДНК-тестування розповсюдження алелю *T* гену *RYR1* у племінних та товарних стадах із метою підвищення ефективності селекції на стрес-стійкість свиней. Особливу увагу слід приділити тваринам м'ясного напрямку продуктивності, оскільки вони є переважними носіями даної мутації.

Ключові слова: ген рецептору ріанодину (*RYR1*), мутація, породи свиней, синдром стресу свиней.

З метою задоволення потреб населення у якісній свинині, вже декілька десятиліть реалізуються селекційні програми, спрямовані на розведення свиней (*Sus scrofa domestica*) із добре розвиненою м'язовою тканиною і одночасним зменшенням вмісту жиру в туші. За ці роки в світі створено та апробовано цілий ряд нових типів, ліній та порід. Свині нових м'ясних порід в цілому характеризуються добрими відгодівельними і м'ясними ознаками. Тим часом, в їх популяціях постійно присутній певний відсоток тварин з м'ясом низької якості. Було встановлено наявність зв'язку між селекцією на м'ясну продуктивність і погіршеними адаптаційними якостями свиней; тварини з високим вмістом м'яса в туші і хорошими м'ясними кондиціями мали підвищену чутливість до стресових факторів [1, 2].

Схильність свиней до стресів обумовлена генетично та асоційована із специфічним галотановим локусом [3]. У ньому розташований комплекс генів, що кодують певні протеїни, котрі синтезуються в організмі свині у відповідь на дію галотанового наркотику та різноманітних стресових факторів. Дослідження галотанового локусу методом ПЛР – ПДРФ (полімеразної ланцюгової реакції, поліморфізму довжин рестрикційних фрагментів), дозволили виявити мутацію в ріанодин – рецепторному гені (*RYR1*-ген), що входить в цей локус. Встановлено, що мутація в *RYR1*-гені асоційована з підвищеною м'ясністю туш а також є причиною надмірно гострої реакції свиней на стрес – злоякісний гіпертермічний синдром (MHS – malignant hyperthermia syndrome), адже він контролює синтез білка, діючого як регулятор транспорту кальцію через канали саркоплазматичного ретикулуму скелетних м'язів [4, 5]. Внаслідок мутації (однонуклеотидної заміни) в положенні 1843 пари нуклеотидів (п. н.) гену рецептора ріанодину відбувається заміна цитозинового нуклеотиду на тиміновий (C<T). Дана мутація є характерною для свиней м'ясного напрямку продуктивності. Нуклеотидна заміна в зазначеному положенні змінює сайт впізнавання для ендонуклеази *Hha I*, і тому генна аномалія може бути ідентифікована в ПЛР- ПДРФ [6].

У Європі прийнята нова класифікація забійних туш свиней (SEUROП), в якій приділяється пильна увага якості м'яса в зв'язку зі схильністю до стресів свиней м'ясних порід. Згідно з вимогами SEUROП кнури-плідники м'ясних порід, які використовуються для відтворення, не повинні бути носіями мутантного алелю *RYR1* [7].

Хоча дослідження поліморфізму гену *RYR1* у популяціях свиней, що розводяться на території України проводились у попередні роки [8, 9, 10], моніторинг наявності мутантного алелю гену *RYR1^T* до цього часу залишається важливим завданням. По перше – у зв'язку з використанням штучного осіменіння постійно скорочується кількість кнурів – плідників, отже, ступінь впливу кожного з них на генофонд стада у якості поширення даного спадкового дефекту значно збільшився. По друге, свині м'ясних порід (ландрас, п'єтрєн, дюрєк) досить активно використовуються в різних схемах схрещування для отримання високоякісного відгодівельного молодняка, підвищення

м'ясних якостей в окремих лініях, типах і породах свиней, що також призводить до небажаного розповсюдження носіїв алелю *RYRI^T* серед певних популяцій тварин. У зв'язку з цим, проблема відбору свиней, особливо м'ясного напрямку продуктивності, генетично стійких до стресів за допомогою методів молекулярної генетики є актуальною і на сьогодні.

Виходячи з вищенаведених факторів, метою роботи було дослідити наявність носіїв мутантного алелю Т гену *RYRI* у субпопуляціях свиней вітчизняного та закордонного походження.

Матеріали та методи досліджень. У роботі проводився аналіз семи порід свиней і внутрішньопородних типів, які розводяться в Україні. Серед них більшу частку становила велика біла порода свиней, яка є переважаючою за чисельністю і становить за різними даними до 67 % від усього племінного поголів'я свиней України (Рибалко В. П., 2011; Гришина Л. П., 2012; Березовський М.Д., 2016). Також дана порода найбільш активно використовується у різноманітних селекційних схемах і кросбредних поєднаннях.

Для генотипування був використаний біоматеріал (кров, шерсть із волосяними фолікулами) від свиней з різних племінних господарств, перелік наступних наведено у таблиці 1.

1. Породи свиней та господарства, де знаходились дослідні тварини

Порода	Господарство	Кількість дослідних свиней, гол.
Велика біла порода української селекції, внутрішньопорідний тип 1	Державне підприємство «ДГ» «Степне» Полтавської обл.	104
Велика біла порода англійської селекції	Племінне господарство «Степной» Запорізької обл.	100
Велика біла порода української селекції, внутрішньопорідний тип 3	ТОВ АФ «Оржицька» Полтавської обл.	50
Велика біла порода української селекції, внутрішньопорідний тип 3	ПрАТ «Бахмутський Аграрний Союз» Донецької обл.	149
Полтавська м'ясна	п/з «Біловодський», Луганської обл.	101
Полтавська м'ясна	к/з «Стрілецький», Луганської обл.	50
Ландрас	п/з ТОВ СП «Золотоніський» Черкаської обл.	37
Ландрас	ТОВ «Хлібне», Харківської обл.	40
Миргородська	Державне підприємство «ДГ» «племзавод ім. Декабристів» Полтавської обл.	70
Червона білопояса	ТОВ ПЗ «Україна-Т», Тернопільської обл.	50

Виділення ДНК зі зразків крові та щетини проводили сольовим методом та з використанням іонообмінної смоли Chelex-100. Генотипування здійснювали методом ПЛР – ПДРФ. Для ПЛР використовували праймери наступної структури:

RYRI Forward: 5'-GTGCTGGATGTCCTGTGTTCCCT-3' [11].

RYRI Reverse: 5'-CTGGTGACATAGTTGATGAGGTTTG-3' [11].

Реакцію проводили в мікроцентрифужних пробірках Safe – Lock, 0,5 мл (Eppendorf, Німеччина) в програмованому термостаті «Терцик-2» виробництва «ДНК-технологии» (Росія) в 25 мкл ПЛР-суміші: 2,5 мкл 10 кратного буфера (670 мМ Tris – HCl, pH 8,8 за температури 25°C, 20 мМ БСА, 166 мМ амонію сірчаноокислого (NH₄)₂SO₄, 100 мМ 2-β-меркаптоетанол), 1 мкл 2,5 мМ dNTP, по 0,5 мкл (0,1 опт. один.) кожного з

праймерів, зразок ДНК свині – до кінцевої концентрації в суміші. 1 мкг/мл, 2-3 од. Тақ ДНК-полімерази (*Thermus aquaticus*), (реактиви – ООО «Компанія Хелікон», Росія і Thermo Fisher Scientific, Литва). Програма ампліфікації ПЛР: 94°C – 3хв.; 31 цикл: 94°C – 25сек.; 68,5°C – 26сек.; 72°C – 40сек., та 72°C – 2хв. У результаті ампліфікації у ПЛР з праймерами для гену *RYR1* синтезується фрагмент ДНК розміром 137 (п.н.).

Готовий ампліфікат обробляли ендонуклеазою *Hha I* (Thermo Fisher Scientific – Fermentas, Литва) (H₂O –15,2мкл., Буф–2,8мкл., 8,0 мкл. ампліфікату та 1,0 мкл. *Hha I*) та інкубували три години при температурі 37°C на термостаті “Віокон”, (Росія). У результаті гідролізу утворюються декілька фрагментів ДНК (137 п.н., 84 п.н., 53 п.н.), за якими ідентифікують різні генотипи свині. Електрофоретичне розділення рестриктних фрагментів здійснювали у 8% поліакріламідному гелі. Візуалізацію проводили за допомогою фарбування гелю бромистим етидієм та подальшим переглядом в ультрафіолетовому світлі на транслюмінаторі. Частоти алелів та генотипів локусу *g.1843C>T RYR1*, відхилення від генетичної рівноваги згідно закону Гарді-Вайнберга у обраних субпопуляціях, що виражена критерієм Хі-квадрат обраховувалися за допомогою програми GenAlex 6.0 [12].

Результати й обговорення. Генетико-популяційне дослідження субпопуляцій свиней за локусом *g.1843 C > T RYR1* показало суттєву перевагу частоти алелю С у порівнянні з частотою мутантного алелю Т (табл.2).

2. Частоти алелів та генотипів локусу *g.1843 C > T RYR1* в субпопуляціях різних порід і внутрішньопорідних типів свиней

Породи	Частоти алелів		Частоти генотипів фактичні/очікувані			X ²
	С	Т	СС	СТ	ТТ	
Велика біла порода української селекції, внутрішньопорідний тип 1	1,000	0,000	1,000/ 1,000	0,000/ 0,000	0,000/ 0,000	-
Велика біла порода української селекції, внутрішньопорідний тип 3 ¹	1,000	0,000	1,000/ 1,000	0,000/ 0,000	0,000/ 0,000	-
Велика біла порода української селекції, внутрішньопорідний тип 3 ²	0,970	0,030	0,940/ 0,941	0,060/ 0,058	0,000/ 0,001	0,827
Велика біла порода англійської селекції	1,000	0,000	1,000/ 1,000	0,000/ 0,000	0,000/ 0,000	-
Полтавська м'ясна ³	0,812	0,188	0,634/ 0,658	0,356/ 0,307	0,000/ 0,035	2,682
Полтавська м'ясна ⁴	0,910	0,090	0,820/ 0,828	0,180/ 0,164	0,000/ 0,008	0,484
Ландрас ⁵	0,801	0,199	0,622/ 0,656	0,378/ 0,308	0,000/ 0,036	1,851
Ландрас ⁶	0,900	0,100	0,800/ 0,810	0,200/ 0,180	0,000/ 0,010	0,482
Миргородська	0,971	0,029	0,942/ 0,944	0,058/ 0,056	0,000/ 0,001	0,806
Червона білопояса	0,970	0,030	0,940/ 0,941	0,060/ 0,058	0,000/ 0,001	0,827

Примітка: ¹ – ПрАТ «Бахмутський Аграрний Союз» Донецької обл., ² – ТОВ АФ «Оржицька» Полтавської обл., ³ – п/з «Біловодський», Луганської обл., ⁴ – к/з «Стрілецький», Луганської обл., ⁵ – п/з ТОВ СП «Золотоніський» Черкаської обл., ⁶ – ТОВ «Хлібне», Харківської обл., χ^2 – відхилення між емпіричними та теоретичними частотами генотипів відносно закону Гарді – Вайнберга.

Згідно отриманих даних в субпопуляціях свиней великої білої породи внутрішньо-порідного типу 1 та англійської селекції, алель T був відсутній. Виключення становила вибірка тварин великої білої породи внутрішньопорідного типу 3, які належали ТОВ АФ «Оржицька» Полтавської обл., де він був представлений за незначної частоти. Таку ситуацію можна пояснити тим, що даний заводський тип характеризується покращеними м'ясними якостями, і, цілком імовірно, на певному селекційному етапі були використані тварини м'ясного генотипу, які в свою чергу, могли бути носіями алелю T, та передали його наступним поколінням. Серед вибірки свиней великої білої породи заводського типу 3 з господарства ПрАТ «Бахмутський Аграрний Союз» Донецької обл. носіїв алелю T виявлено не було. Вочевидь, при створенні даного заводського типу були використані тварини, які були вільними від даної мутації. Даний розподіл алелів локусу $g.1843 C > T RYRI$ загалом узгоджується з результатами ряду попередніх досліджень, згідно яких алель T у великій білій породі не виявлений або представлений за низької частоти.

Встановлена наявність мутантного алелю T та, відповідно, генотипу СТ у вибірці тварин миргородської породи. Дана порода сального напрямку продуктивності раніше характеризувалася відсутністю цієї мутації (Балацький В. М., Метлицька О. І., 1998). Але в процесі створення нових генеалогічних ліній за використання у схемах схрещування свиней ультрам'ясної породи п'єтрен та застосування кнурів саме цієї породи для отримання молодняку для відгодівлі з метою покращення м'ясних якостей (Войтенко С. Л., 2009), призвело до появи тварин – носіїв алелю T.

Завдяки високій м'ясній продуктивності, п'єтрени досить активно використовуються в різних схемах схрещування з метою підвищення м'ясних якостей в окремих лініях і типах свиней, а також при створенні нових порід, і вони в свою чергу мають генотип TT за локусом $g.1843 C > T RYRI$. Вочевидь, наявність алелю T також і в полтавській м'ясній породі є результатом використання генетичного матеріалу п'єтренив при її створенні. В зв'язку з тим, що *RYRI*-ген позитивно корелює з м'ясними якостями свиней, селекційні стратегії спрямовані на їх покращення є фактором збереження в популяції T-алелю.

Оскільки свині породи ландрас також належать до м'ясного напрямку продуктивності, то серед вибірки тварин з обох племінних господарств було встановлено наявність особин з генотипом СТ за низької частоти. Дана ситуація характерна і для свиней червоної білопоясої породи, при створенні цього синтетичного м'ясного генотипу, в свою чергу були застосовані полтавська м'ясна, ландрас та спеціалізовані м'ясні породи: п'єтрен, дюрок та гемпшир.

Наявність *RYRI* T алелю асоціюється з напрямком продуктивності досліджених порід. Адже м'ясні породи, ландрас, полтавська м'ясна та червона білопояса, в субпопуляціях яких присутній *RYRI* T алель та генотип СТ, а у породах універсального та сального типу продуктивності – велика біла і миргородська алель T не знайдено або він наявний за низької частоти.

Слід зазначити, що в жодній субпопуляції розподіл генотипів статистично достовірно не відрізнявся від теоретично очікуваного, обчисленого згідно закону Гарді-Вайнберга. Отже, за локусом $g.1843 C > T RYRI$, досліджені породи знаходяться в стані наближеному до генетичної рівноваги.

За результатами ДНК-типуювання були враховані гетерозиготність та фіксаційний індекс як показники популяційно-генетичної мінливості. Рівень як очікуваної, так і фактичної гетерозиготності за локусом *RYRI*, найвищим був в породах ландрас і полтавська м'ясна (табл. 3). Це вказує на можливість проведення селекції в цих породах направленою на елімінацію небажаного T алелю.

3. Показники гетерозиготності та фіксаційний індекс за локусом *g.1843 C > T RYR1* в субпопуляціях різних порід і внутрішньопорідних типів свиней

Породи	Гетерозиготність		F _{is}
	H _o	H _e	
Велика біла порода української селекції, внутрішньопорідний тип 1	0,000	0,000	-
Велика біла порода української селекції, внутрішньопорідний тип 3 ¹	0,000	0,000	-
Велика біла порода української селекції, внутрішньопорідний тип 3 ²	0,060	0,058	-0,031
Велика біла порода англійської селекції	0,000	0,000	-
Полтавська м'ясна ³	0,356	0,307	-0,167
Полтавська м'ясна ⁴	0,180	0,164	-0,099
Ландрас ⁵	0,378	0,308	- 0,233
Ландрас ⁶	0,200	0,180	-0,111
Миргородська	0,057	0,056	-0,029
Червона білопояса	0,060	0,058	-0,031

Примітка: H_o – фактична гетерозиготність; H_e – очікувана гетерозиготність; F_{is} – індекс фіксації Райта

Фіксаційний індекс в породах, миргородська, червона білопояса та велика біла порода української селекції, внутрішньопорідний тип 3 мав незначні від'ємні значення. Більш суттєві від'ємні значення фіксаційного індексу були в породах полтавська м'ясна та ландрас, що вказує на вищу кількість гетерозигот та можливість проведення направленої селекції у дослідженій вибірці тварин.

Висновки. Проаналізована вибірка порід свиней: велика біла англійської селекції, велика біла української селекції, внутрішньопорідний тип 1 і тип 3, полтавська м'ясна, ландрас, миргородська та червона білопояса за локусом *g.1843 C > T RYR1*, що асоційований із чутливістю свиней до стрессиндрому. Встановлена присутність тварин-носіїв мутантного алелю Т серед порід миргородська, ландрас, червона білопояса, полтавська м'ясна та велика біла української селекції, внутрішньопорідний тип 3. Згідно результатів проведеного генотипування, існує доцільність проводити подальше ДНК-тестування розповсюдження алелю Т гену *RYR1* у племінних та товарних стадах із метою підвищення ефективності селекції на стрес-стійкість свиней. Особливу увагу слід приділити тваринам м'ясного напрямку продуктивності, оскільки вони є переважними носіями даної мутації.

БІБЛІОГРАФІЯ

1. Рыбалко, В. 2005. «Влияние интенсивности откорма на качество свинины». *Свиноводство промышленное и племенное*. 4(3):26-28.
2. Бірта, Г., та Бургу, Ю. 2012. «Влияние генотипа на мясные качества свиней». *Вісник Полтавської держ. аграр. академії*. 1(3):212-4.
3. Zhang, W. 1992. «Halotane Gene and Swine Performance» *J. of Anim. Sci.* 70(7): 1307 – 13.

4. Fujii, J. K. Otsu, F. Zorzato, S. de Leon, VK. Khanna, JE. Weiler, PJ. O'Brien and DH. MacLennan. 1991. «Identification of a mutation in porcine ryanodine receptor associated with malignant hyperthermia». *Science*. 253(4): 448-51.
5. Bannister, R and Beam K. 2009. «Ryanodine modification of RyR1 retrogradely affects L-type Ca²⁺ channel gating in skeletal muscle». *J. Muscle Res Cell Motil.* 30(6): 217–23.
6. MacLennan, D., C. Duff, F. Zorzato J. Fujii, M. Phillips, RG. Korneluk, W. Frodis, BA. Britt and RG. Worton. 1990. «Ryanodine receptor gene is candidate for predisposition to malignant hyperthermia». *Nature*. 343(6):243-8.
7. Commission Regulation (EEC). 2008. № 1249/2008 of 10 December. «Laying down detailed rules on the implementation of the Community scales for the classification of beef, pig and sheep carcasses and the reporting of prices thereof». *Official Journal of the European Union*. <http://eur-lex.europa.eu/eli/reg/2008/1249/oj>.
8. Балацкий, В., Метлицкая, Е., и Биндюг, Н. 2000. «Генная диагностика гипертермического синдрома в популяциях свиней разных генотипов». *Свиноводство*. 6(3):8-10.
9. Балацкий, В., Саенко, А, Пина, Р., Буслик, Т., и Гиболенко, Е. 2015. «Генетическая дифференциация пород свиней по десяти локусам количественных признаков». *Цитология и генетика*. 5(12):26-37.
10. Коновал, О., Костенко, С., Спиридонов, В. та Мельничук, С. 2008. «Молекулярно-генетичний аналіз генів, асоційованих із господарсько корисними ознаками свині свійської (*Sus Scrofa*)» *Вісн. Укр. товариства генетиків і селекціонерів*. том 6.2(4):240–43.
11. Брэм, Г. и Бренинг, Б. 1993. «Использование в селекции свиней молекулярной генной диагностики злокачественного гипертермического синдрома (MHS)». *Генетика*. Т. 29. 6(5): 1009-13.
12. Peakall, R. and P. Smouse «GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research». 2006. *Molecular Ecology Notes*. 6(8):288-95.

REFERENCES

- 1 Rybalko, V. 2005. *Vliyanie intensivnosti otkorma na kachestvo svininy – The effect of fattening intensity on the quality of pork. Svinovodstvo promyshlennoe i plemennoe – Pig breeding industrial and pedigree*. 4(3):26-28 (in Ukrainian).
2. Birta, H. ta Yu. Burhu. 2012. *Vlyanye henotypa na myasnye kachestva svynei – Influence of the genotype on the meat qualities of pigs*. *Visnyk Poltav's'koyi derzh. ahrar. akademiyi*. – Bulletin of Poltava State Agrarian Academy 1(3):212-4 (in Ukrainian).
3. Zhang, W. 1992. «Halotane Gene and Swine Performance» *J. of Anim. Sci.* 70(7): 1307 – 13.
4. Fujii, J. K. Otsu, F. Zorzato, S. de Leon, VK. Khanna, JE. Weiler, PJ. O'Brien and DH. MacLennan. 1991. «Identification of a mutation in porcine ryanodine receptor associated with malignant hyperthermia». *Science*. 253(4): 448-51.
5. Bannister, R and Beam K. 2009. «Ryanodine modification of RyR1 retrogradely affects L-type Ca²⁺ channel gating in skeletal muscle». *J. Muscle Res Cell Motil.* 30(6): 217–23.
6. MacLennan, D., C. Duff, F. Zorzato J. Fujii, M. Phillips, RG. Korneluk, W. Frodis, BA. Britt and RG. Worton. 1990. «Ryanodine receptor gene is candidate for predisposition to malignant hyperthermia». *Nature*. 343(6):243-8.
7. Commission Regulation (EEC). 2008. № 1249/2008 of 10 December. «Laying down detailed rules on the implementation of the Community scales for the classification of beef, pig and sheep carcasses and the reporting of prices thereof». *Official Journal of the European Union*. <http://eur-lex.europa.eu/eli/reg/2008/1249/oj>.
8. Balatskiy, V., E. Metlitskaya i N. Bindyug. 2000. *Gennaya diagnostika gipertermicheskogo sindroma v populyatsiyakh sviney raznykh genotipov – Genetic*

diagnostics of hyperthermia syndrome in populations of pigs of different genotypes. Svinovodstvo – Pig breeding. 6(3):8-10 (in Ukrainian).

9. Balatskiy, V., A. Saenko, R. Pina, T. Buslik i E. Gibolenko. 2015. *Geneticheskaya differentsiatsiya porod sviney po desyati lokusam kolichestvennykh priznakov – Genetic Diversity of Pig Breeds on Ten Production Quantitative Traits Loci.* Tsitologiya i genetika – Cytology and Genetics. 5(12):26-37 (in Ukrainian).

10. Konoval, O., S. Kostenko, V. Spy`ry`donov ta S. Mel`ny`chuk. 2008. *Molekulyarno-genety`chny`j analiz geniv, asocijovany`x iz gospodars`ko kory`sny`my` oznakamy` svy`ni svijs`koyi (Sus Scrofa) – Molecular genetic analysis of genes associated with economically useful traits in Domestic pig (Sus Scrofa).* Visn. Ukr. tovary`stva genety`kiv i selekcioneriv – Journal of Society of geneticists and breeders. Vol. 6.2(4):240–3 (in Ukrainian).

11. Brem, G. i B. Brening. 1993. *Ispol`zovanie v selektsii sviney molekulyarnoy gennoy diagnostiki zlokachestvennogo gipertemicheskogo sindroma (MHS).* – *The use of molecular gene diagnostics of malignant hyperthermic syndrome (MHS) in pigs.* Genetika. – Genetics. Vol. 29. 6(6):1009-13 (in Russian).

12. Peakall, R. and P. Smouse «*GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research*». 2006. Molecular Ecology Notes. 6(8):288-95.

Рудоман Г. С., Балацкий В. Н., Саенко А. М. Распространение мутантного аллеля т гена *ryri* в породах свиней отечественной и зарубежной селекции

Проведено исследование полиморфизма g.1843C> T гена RYR1, ассоциированного с синдромом стресса свиней. Проводился анализ 7-ми пород свиней и внутрипородных типов, которые разводятся в Украине: крупная белая порода украинской селекции, внутрипородный тип 1, крупная белая порода украинской селекции, внутрипородный тип 3, крупная белая порода английской селекции, полтавская мясная, ландрас, миргородская и красная белополая. Поскольку однонуклеотидная замена g.1843C> T в RYR1-гене ассоциирована с повышенным количеством мяса в туше, а также обуславливает возникновение стрессиндрома, проблема отбора свиней, особенно мясного направления продуктивности, генетически устойчивых к стрессам с помощью методов молекулярной генетики актуальна и сегодня. Для генотипирования был использован биоматериал (кровь, шерсть с волосяными фолликулами) от свиней из десяти племенных хозяйств Украины. Установлено присутствие животных-носителей мутантного аллеля T среди пород миргородская, ландрас, красная белополая, полтавская мясная и крупная белая украинской селекции, внутрипородный тип 3. Наличие аллеля T ассоциируется с направлением продуктивности исследованных пород. Ведь мясные породы, ландрас, полтавская мясная и красная белополая, в субпопуляциях которых присутствует аллель T и генотип СТ, а в породах универсального и сального типа продуктивности – крупная белая и миргородская, где мутантный аллель не обнаружен, или он встречается с низкой частотой. Согласно результатов проведенного генотипирования, существует целесообразность проводить дальнейшее ДНК-тестирование распространения аллеля T гена RYR1 в племенных и товарных стадах с целью повышения эффективности селекции на стресс-устойчивость свиней. Особое внимание следует уделить животным мясного направления продуктивности, поскольку они являются основными носителями данной мутации.

Ключевые слова: ген рецептора рианодина (RYR1), мутация, породы свиней, синдром свиного стресса.

Rudoman H., Balatsky V., Saenko A. The dissemination of mutant allele *t ryri* gene at a pig breed of domestic and foreign selection

The polymorphism g.1843C> T of the RYR1 gene associated with the pig's stress syndrome was studied. An analysis was made of seven breeds of pigs and intra-breed types that are bred in Ukraine: a Large White breed of Ukrainian breeding, intra-breed type 1, a Large White breed of Ukrainian breeding, an intra-breed type 3, a Large White breed of English breeding, Poltava Meat, Landrace, Mirgorod and Red White Belt. Since the single nucleotide polymorphism of g.1843C> T in the RYR1-gene is associated with an increased amount of meat in the carcass, and also causes the appearance of a stress syndrome, the problem of selecting pigs, especially the meat direction of productivity, genetically resistant to stress using molecular genetics methods is still relevant today. For genotyping, biomaterial (blood, wool with hair follicles) from pigs from ten breeding farms of Ukraine was used. The presence of the carrier animals of the mutant T allele among the Mirgorod, Landrace, Red White Belt, Poltava Meat and Large White Ukrainian breeds, the intra-breed type 3 was identified. The presence of the T allele is associated with the direction of productivity of the studied rocks. After all, meat breeds, Landrace, Poltava Meat and Red White Belt, in the subpopulations of which there is an allele of T and genotype of CT, and in rocks of universal and greasy type of productivity – Large White and Mirgorod, where the mutant allele is not found, or it meets with low frequency. According to the results of the genotyping, it is advisable to carry out further DNA testing of the propagation of the T gene of the RYR1 gene in breeding and commercial herds in order to increase the efficiency of breeding for stress resistance of pigs. Particular attention should be given to animals meat direction of productivity, because they are the main carriers of this mutation.

Key words: ryanodine receptor gene (RYR1), mutation, porcine breeds, porcine stress syndrome.

УДК 636.082:575

ВПЛИВ ОДНОНУКЛЕОТИДНОЇ ЗАМІНИ 232T>A В ГЕНІ РЕЦЕПТОРУ ЛЕПТИНУ НА СПЕРМОПРОДУКТИВНІСТЬ КНУРІВ

Саранцева Н.К., аспірант*

Нор В.Ю., кандидат сільськогосподарських наук

Балацький В.М., кандидат біологічних наук

Базалевич А. В., кандидат сільськогосподарських наук

Інститут свинарства і агропромислового виробництва НААН

36013, м. Полтава, вул. Шведська могила, 1

pigbreeding@ukr.net

*Проведено дослідження поліморфізму с.232T>A гену рецептору лептину свиней (*Sus scrofa domesticus*) на предмет його асоціації з окремими показниками якості сперми кнурів. Молекулярно-генетичний аналіз здійснений на вибірці тварин ЗАТ ПЗ «Агрорегіон». Установлені основні генетико-популяційні параметри досліджуваної групи кнурів за локусом с.232T>A LEPR. Розрахований індекс поліморфного інформаційного вмісту локусу (0,22) дозволив провести*

*Науковий керівник – кандидат біологічних наук Балацький В.М.