

ВИКОРИСТАННЯ МАРКЕРНОЇ СЕЛЕКЦІЇ У ВИХІДНИХ ПОРОДАХ СВИНЕЙ ЗА ПОКАЗНИКАМИ ГЕНЕТИЧНОЇ МІНЛИВОСТІ ЇХ ГІБРИДНИХ НАЩАДКІВ

Будаква Єлизавета Олександрівна

аспірантка, молодший науковий співробітник

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

ORCID: 0000-0001-5941-1953

budakvayelyzaveta@gmail.com

Баньковська Ірина Броніславівна

доктор сільськогосподарських наук

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

ORCID: 0000-0002-0104-5003

gloryir2017@gmail.com

Почерняєв Костянтин Федорович

доктор сільськогосподарських наук

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

ORCID: 0000-0001-9973-6429

k.f.pochernyaev@gmail.com

Зінов'єв Сергій Георгійович

кандидат сільськогосподарських наук

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

ORCID: 0000-0002-3757-3860

kvazimodo2077@gmail.com

У роботі наведена оцінка гібридних свиней за показниками відгодівельної продуктивності: (AGE100) – вік досягнення живої маси 100 кг та (ADG) – середньодобовий приріст, г/кг. У досліді були використані гібридні свині (велика біла × ландрас) × Махгро. Свині ірландської селекції є основою виробництва свинини в умовах ТОВ НВП «Глобинський свиноплекс» Полтавської області, де їх використовують у якості батьківської форми. Метою роботи було дослідити чи забезпечує розподілення алельних варіантів генів кандидатів відгодівельних ознак – катепсину D CTSD (g.70G>A) та рецептора меланокортину 4 MC4R (c.1426A>G) у вибірці гібридних свиней (велика біла×ландрас) термінальної лінії Махгро, достатню генетичну мінливість для асоціативного аналізу з наступною маркерною селекцією. Для генотипування гібридного стада свиней, свині були розділені на дві групи. До першої групи відносилися некастровані свині (n=60), до другої групи – імунологічно кастровані свині (n=54). Виділення ДНК було проведено із щетини вуха свиней з використанням іонообмінної смоли Chelex-100. Для визначення впливу генів-маркерів на продуктивні якості свиней використовували метод ПЛР-аналізу з рестриктивним гідролізом фрагментів. Обробку даних результатів ДНК-генотипування проводили за допомогою програмного забезпечення GenAlEX6. Імунологічно-кастровані свині (n=8) з мономорфним генотипом MC4R^{AA} (ADG=0,846кг/138дів) переважають некастрованих свиней (n=7) за віком досягнення живої маси 100 кг на 9 дів. Аналогічна ситуація спостерігається у свиней 2-ї та 1-ї групи з генотипом MC4R^{GG} з незначною різницею у ADG+0,010 кг та AGE100 + 8 дів (ADG=0,756 кг/152 дів). Різниця у 6 дів за показником AGE100 спостерігається у свиней 1-ї групи з поліморфним генотипом MC4R^{AG} (ADG=0,850 кг/150 дів) та ADG-0,198 кг. Імунологічно-кастровані свині (n=5) з генотипом CTSD^{GG} переважають некастрованих (n=9) за середньодобовим приростом 0,851 кг на 0,076 кг. і віком досягнення живої маси 100 кг/158 дів на -14 дів, ніж некастровані (ADG=0,851кг/144дів). Свині з генотипом CTSD^{GA} (n=27) 1-ї та 2-ї групи (n=18) характеризуються рівномірним ростом за період відгодівлі за показниками ADG і AGE100. Були виявлені обидва алелі за локусом рецептора меланокортину 4 MC4R (c.1426A>G) та катепсину D CTSD (g.70G>A). В SNP CTSD частота алеля G (0,576) вище за частотою алеля A (0,428). У випадку SNP MC4R алель A (0,554) вище за частотою алеля G (0,446). Отриманні дані дозволили змодельувати схему: «Генотиповий аналіз та прогнозування бажаних генотипів у нащадків батьківської форми свиней (велика біла × ландрас) термінальної лінії Махгро (n=104) за SNPs CTSD та MC4R». ДНК-типуювання за SNPs MC4R (c.1426 A>G) та CTSD (g.70 G>A) виявило їх перспективне використання у маркер-асоційованій селекції. Вперше в Україні розпочато вивчення розподілення частот та асоціацій зазначених алелів і генотипів серед свиней термінальної лінії Махгро. Перспективою є продовження досліджень у напрямку комплексного аналізу впливу досліджуваних генів на відгодівельні якості

фінальних гібридів за використання термінальної лінії Махгро. Запропоновано схему генотипового аналізу, що є фундаментальним напрямом для практичного впровадження маркерної селекції у виробничих умовах промислового свинарства України.

Дослідження виконано за підтримки Національної академії аграрних наук України 31.01.00.07.Ф. «Дослідити плейотропний ефект генів, SNP яких використовують в маркер-асоційованій селекції свиней» ДР № 0121U109838.

Ключові слова: свині, (велика біла×ландрас), термінальна лінія Махгро, ПЛР-ПДРФ, CTSD (g.70G>A), MC4R (c.1426A>G), AGE100, ADG, генотип, поліморфізм, породний ДНК-маркер.

DOI <https://doi.org/10.32845/bsnau.lvst.2022.4.2>

В Україні проведено багато досліджень з чистопородного схрещування та породно-лінійної гібридизації. Недостатньо вивченим залишається питання використання високопродуктивних м'ясних генотипів у якості материнської та проміжної батьківської форми свиней в системах гібридизації. Аналіз вітчизняних та зарубіжних джерел свідчить, що вплив генів катепсину D CTSD (g.70G>A) та меланокортину 4 MC4R (c.1426A>G) на відгодівельну продуктивність гібридного молодняку свиней зарубіжної селекції недостатньо вивчено. Для закріплення бажаних генотипів перелічених генів важливо вивчити їх можливий плейотропний вплив на відгодівельні ознаки свиней (велика біла × ландрас) × Махгро. При цьому важливо враховувати структуру термінальної лінії для попередження небажаних алельних ефектів між даними ознак (Yuanmei Guo, Yixuan Huang et al., 2017; Martijn F.L.D., Marcos S.L., et al., 2018; Balatsky V.N., Oliinychenko Y.K., et al., 2021). Відбір за продуктивними ознаками зазвичай проводять у чистопородних популяціях. Як правило, ці тварини характеризуються високим рівнем здоров'я на відміну від товарного поголів'я. Свиноматок великої білої породи використовують у промисловому свинарстві для отримання гібридного молодняку (Likhach V.Ya., Topikha V.S., 2018; Berezovsky M.D., Vashchenko P.A., 2015). У проведеному дослідженні (Березовським М.Д., 2014) встановлено, що кращими були використанні термінальні кнури (♀ дюрк × ♂ п'єтрен) у поєднанні зі свиноматками F1: (♀ велика біла × ♂ ландрас). Гібридизація у свинарстві – це вищий етап схрещування відселекціонованих материнських та батьківських форм з метою стійкого успадкування нащадками виробничих, відгодівельних та забійних якостей.

Оцінка генетичної інформації на рівні гібридного стада тварин, на нашу думку, може підвищити ефективність підбору поєднань для одержання гетерозиготних нащадків. Визначення асоціативних зв'язків генетичних маркерів з ознаками продуктивності у фінальних гібридах, дозволить проводити підбір вихідних форм за ДНК-маркерами і гарантовано отримувати найбільш продуктивне товарне поголів'я. З огляду на це, оцінка можливості використання маркерної селекції у вихідних породах за показниками популяційно-генетичної мінливості в стадах гібридних свиней, стала метою нашої роботи.

Встановлені раніше асоціації генетичних маркерів з ознаками продуктивності дозволяють впроваджувати маркерну селекцію у виробничу практику. Зазвичай такі асоціації були визначені переважно для чистопородних тварин (Loban N.A., Sheiko I.P., 2013). За результатами досліджень (Russo V., Fontanesi L., Scotti E., Beretti F.,

Davoli R., Nanni Costa L., Virgili R., Buttazzoni L., 2008) італійської популяції свиней великої білої породи ген катепсину D CTSD пов'язаний зі скоростиглістю та ефективністю використання кормів (Russo V., Fontanesi L., et al., 2008). Поліморфізм гену MC4R пов'язаний зі споживанням кормів та середньодобовими приростами у помісних свиней. З'ясовано, що тварини з генотипом MC4R^{GG} вразливі до уражень, а також характеризуються меншою інтенсивністю росту від тварин з генотипом MC4R^{AA}, тому, бажаною генотиповою ознакою будуть нащадки поліморфні за генотипом MC4R^{AG} (Van den Broeke A., 2015; Van den Broeke A., 2015; Vashchenko P., Balatsky V., et al., 2019).

Отже, вивчення поліморфізму фенотипових ознак у гібридних свиней термінальної лінії Махгро, стане науковим досягненням у визначенні асоціативного ДНК-маркера продуктивності в межах даного синтетичного поєднання. За наявності поліморфних досліджуваних генетичних маркерів продуктивності буде можливо оцінити вихідні породи гібридного поголів'я свиней. Разом з цим, важливою стане розробка рекомендацій щодо попередження та елімінації дефектних алелей за допомогою внутріпородного генетичного ДНК-маркера, за сталим алельним станом рівня продуктивності свиней термінальної лінії Махгро. Дані дослідження є актуальними з метою закріплення не лише фенотипової, але й генотипової гібридної сили для аналітичного ведення комерційної лінії Махгро.

Мета досліджень. Виявити розподілення алельних варіантів досліджуваних SNP CTSD (g.70G>A), MC4R (c.1426A>G) вихідних порід гібридних свиней (велика біла×ландрас) термінальної лінії Махгро за результатами відгодівельних ознак на підставі розробки схеми генотипового аналізу та прогнозування за SNP CTSD та MC4R.

Матеріали та методи досліджень. Молекулярно-генетичне дослідження проводили в лабораторії генетики Інституту свинарства і АПВ НААН згідно ДСТУ EN ISO 15189:2015. Для ДНК-аналізу був використаний попередньо оброблений біологічний матеріал із зразків вушної раковини гібридних свиней – щетина із використанням іонообмінної смоли Chelex-100. Досліджувана вибірка гібридних свиней (велика біла×ландрас)×Махгро вирощені в умовах ТОВ НВП «Глобинський свиноматок-комплекс». Вищипували з вуха свиней по 4-7 щетини та перемістили в пластикові пробірки типу «Eppendorf» ємністю 1,5 мл., і додавали 100 мкл. 20% суспензії Chelex-100. Суміш інкубували на протязі 5 годин при 56°C періодично перемішуючи вміст на Vortex 5-10 сек.

Далі пробірки поміщали у термостат на 8 хв. при 98°C і знову перемішували на Vortex 5-10 сек. та центрифугували 2 хв. при 8 тис. об/хв. 12 мкл. супернатанту використовували для ампліфікації в ПЛР. Зберігали зразки ДНК при мінус 20°C. Перед використанням зразки перемішували та центрифугували 2 хв при швидкості 8–10000 об/хв (Korinny S.M, Pochernyaev K.F., et al., 2005).

Поліморфізм генів визначали методом ПЛР-ПДРФ (Polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism – PCR-RFLP) за допомогою ендонуклеаз рестрикції *CTSD* (*MscI*), *MC4R* (*TaqI*).

Електрофоретичне розділення ДНК-фрагментів проводили у 8% поліакриламідному гелі у 1xTBE буфері. Візуалізацію продуктів рестрикції здійснювали за допомогою фарбування бромистого етідію та просмотром на транселюмінаторі у УФ-світлі.

Результати дослідження та їх обговорення. ДНК типування проводили у досліджуваній групі некастрованих свиней ($n=60$) та імунологічно-кастрованих ($n=54$) за SNPs *MC4R* (с.1426 A>G) та *CTSD* (г.70 G>A). ДНК типування включає ідентифікацію алельних варіантів генів, алелі яких характеризуються рестриктними фра-

Таблиця 1

Генетичні маркери для ПЛР-ампліфікації

| Ген | Структура праймерів (5'→3')/ розмір фрагменту ампліфікації | °C | Відповідні фрагменти рестрикції | Ендонуклеаза рестрикції |
|--------------------------------|--|----|---|--|
| <i>CTSD</i> /SNP г.70 G>A | F: GCTGTGCACCCTAGGAACC R: TCGTCAGGTCCAGGCAAC | 58 | GA (184, 117, 67 п.н.); GG (150 п.н.) | <i>MscI</i> (Thermo Fisher Scientific™) |
| <i>MC4R</i> /SNP с.1426 A>G | 298R-5'-TACCCTGACCATCTTGATTG 298F-5'-ATAGCAACAGATGATCTCTTTG | 64 | AA (220 п.н.); AG (70 п.н.); GG (150 п.н.) | <i>TaqI</i> (Thermo Fisher Scientific™) |

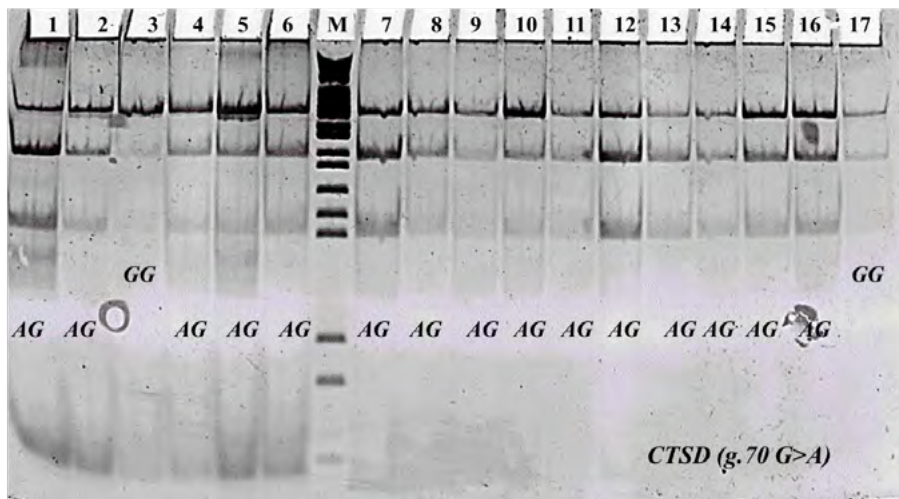


Рис. 1. Електрофореграма продуктів рестрикції *MscI* ДНК локусу *CTSD* (г.70 G>A) у 8% ПААГ. Маркер молекулярної маси рBR322/*MspI*

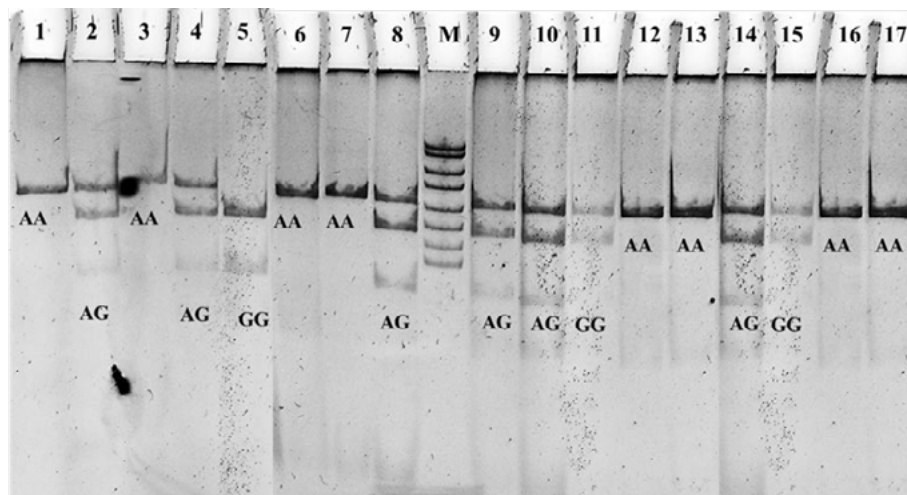


Рис. 2. Електрофореграма продуктів рестрикції *TaqI* ДНК локусу *MC4R* (с.1426 A>G) у 8% ПААГ. Маркер молекулярної маси рUC19 DNA/*MspI* (HpaII) Marker, 23

Розподіл частот алелів та генотипів ДНК-маркерів товарного гібридного молодняку свиней ($n=104$)

| SNP (g.70 G>A) | | SNP (c.1426 A>G) | | |
|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|
| CTSD ^{GG} | CTSD ^{GA} | MC4R ^{GG} | MC4R ^{GA} | MC4R ^{AA} |
| Частоти генотипів | | | | |
| 0,19 | 0,86 | 0,19 | 0,52 | 0,30 |
| Частоти алелів | | | | |
| CTSD ^G | CTSD ^A | MC4R ^G | MC4R ^A | |
| 0,576 | 0,428 | 0,448 | 0,558 | |
| χ^2 | | χ^2 | | |
| 25,789*** | | 0,057ns | | |
| F | | F | | |
| -0,744 | | -0,038 | | |

Примітка: У дужках представлені очікувані частоти генотипів, що розраховані за формулою Харді-Вайнберга. Значення χ^2 визначено для оцінки достовірності відхилення очікуваного розподілу генотипів від очікуваного.

Схема 1

Генотиповий аналіз та прогнозування бажаних генотипів у нащадків батьківської форми свиней (велика біла \times ландрас) термінальної лінії Maxgro ($n=104$) за SNPs CTSD та MC4R



P1: ♀LW \times ♂LW

CTSD^{GG} CTSD^{AA}



F2: ♀LW/♂LW

CTSD^{GA}

P2: ♀LW \times ♂L

♀L \times ♂LW

CTSD^{GA} CTSD^{AA}



F3: ♀LW/♂L

CTSD^{GG} CTSD^{GG}

CTSD^{GA} CTSD^{GA}

P3: ♀LW/♀L \times ♂ Maxgro

CTSD^{GA} CTSD^{GA}



F4: ♂LW ♀L ♂L ♂L Maxgro

CTSD^{GG} CTSD^{GA}

CTSD^{GA} CTSD^{AA}

P4: ½♀LW ♀L \times ♂ Maxgro

CTSD^{GA} CTSD^{GA}



F5: ♂LW ♀L ♂L ♂L Maxgro

CTSD^{GG} CTSD^{GA}

CTSD^{GA} CTSD^{AA}



P1: ♀LW \times ♂LW

MC4R^{GG} MC4R^{AA}



F2: ♀LW/♂LW

MC4R^{AG}

P2: ♀LW \times ♂L

♀L \times ♂LW

MC4R^{AA} MC4R^{AG}



F3: ♀LW/♂L

MC4R^{AA} MC4R^{AG}

MC4R^{AA} MC4R^{AG}

P3: ♀LW/♀L \times ♂ Maxgro

MC4R^{AG} MC4R^{GG}



F4: ♂LW ♀L ♂L ♂L Maxgro

MC4R^{AG} MC4R^{AG}

MC4R^{GG} MC4R^{GG}

P4: ½♀LW ♀L \times ♂ Maxgro

MC4R^{AG} MC4R^{AA}



F5: ♂LW ♀L ♂L ♂L Maxgro

MC4R^{AA} MC4R^{AA}

MC4R^{AG} MC4R^{AG}

гментами розміром з пар нуклеотид (п.н.). Фрагменти отриманої електроферограми (рис. 1): Доріжка 1,2,4-16 з генотипом *g.70^{GA}* (184, 117, 67 п.н.); доріжка 3,17 з генотипом *g.70^{GG}* (150 п.н.).

Фрагменти отриманої електроферограми (рис. 2): Доріжка 2,4,8,9,10,14 з генотипом *c.1426^{AG}* (70 п.н.); доріжка 1,3,6,7,12,13,16,17 з генотипом *c.1426^{AA}* (220 п.н.); доріжка 5,15 з генотипом *c.1426^{GG}* (150 п.н.).

Аналіз зв'язку одержаних генотипів з показниками відгодівельної продуктивності свиней наведено в Таблиці 2.

Прогенотиповані за ДНК-маркером *CTSD^{GG}* імунологічно-кастровані свині ($n=5$) переважають некастрованих ($n=9$) за середньодобовим приростом 0,851 кг на 0,076 кг із відставанням у рості за показником віку досягнення живої маси 100 кг/158 діб на -14 діб ніж імунологічно-кастровані ($ADG=0,851$ кг/144 діб). Свині з генотипом *CTSD^{GA}* 1-ї ($n=27$) та 2-ї групи ($n=18$) характеризуються рівномірним ростом за період відгодівлі за показниками ADG та $AGE100$.

Імунологічно кастровані свині ($n=8$) з мономорфним генотипом *MC4R^{AA}* ($ADG=0,846$ кг/ 138 діб) переважають некастрованих свиней ($n=7$) з генотипом *MC4R^{AA}* ($ADG=0,925$ кг/147 діб) за віком досягнення живої маси 100 кг на 9 діб із незначною різницею у середньодобовому прирості за період відгодівлі +0,079 кг. Аналогічна ситуація спостерігається у свиней 2-ї та 1-ї групи з генотипом *MC4R^{GG}* з незначною різницею у $ADG+0,010$ кг та $AGE100 +8$ діб. Різниця у 6 діб за показником $AGE100$ спостерігається у свиней 1-ї групи з поліморфним генотипом *MC4R^{AG}* ($ADG=0,850$ кг/150 діб) та $ADG-0,198$ кг.

Результати популяційно-генетичного аналізу у відношенні до обраних генів *CTSD (g.70G>A)*, *MC4R (c.1426A>G)* для свиней зарубіжної селекції наведені у таблиці 3.

Для *SNP* за локусом *MC4R (c.1426A>G)* та *CTSD (g.70G>A)* у досліджуваних тварин виявлені обидва варіанти алелей. Частота алеля *G (0,576)* в *SNP CTSD* була вище за частоту алеля *A (0,428)*; в *SNP MC4R* алель *A (0,558)* вище за частоту алеля *G (0,448)*. По *SNP* при ДНК типувани не було достовірного відхилення частот генотипів за рівноважним законом Харді-Вайнберга. При цьому переважала частота генотипу *GA 0,86* над генотипом *GG 0,19* гену *CTSD (g.70G>A)*; частота генотипу *GA 0,52* над генотипом *AA 0,30* та *GG 0,19* гену *MC4R (c.1426A>G)*. Достовірні відхилення розприділення генотипів від очікуваних були зафіксовані в *SNP CTSD 25,789****. Фіксований індекс також показав надлишок гетерозиготних генотипів на рівні ($F=-0,741$) у досліджуваній мікропопуляції до *CTSD*. Позитивне значення фіксованого індекса $F=1,000$ вказує на переважну кількість гомозиготних генотипів.

Типування за локусом катепсину *D CTSD* та меланокортину *4 MC4R* демонструє різноманітний розподіл алелей та генотипів. Очевидно, що в досліджуваній популяції, ознаки формуються під контролем різних алельних варіантів. Таким чином, у тварин (велика біла×ландрас)×Махгро ірландської селекції існує поліморфізм за генами *CTSD^{GA}* та *MC4R^{AG}*. Це означає, що проведення маркерної селекції на внутріпородній основі є доцільним. Отриманні дані дозволяють рекомендувати закріплення

бажанного генотипу за генами *CTSD^{GA}*, *MC4R^{AG}* для підвищення відгодівельних якостей та одержання нащадків з бажаним співвідношенням алелей.

Виходячи з отриманих даних нами була сформована схема генотипового аналізу, що наведена нижче (схема 1).

З метою покращення показників відгодівельних ознак віку досягнення живої маси 100 кг ($AGE100$) та середньодобового приростів (ADG) гібридного молодняку свиней за участі термінальної батьківської лінії Махгро рекомендуємо у селекційній роботі формувати групи гібридного молодняку свиней за наступними комплексними генотипами: *CTSD^{GA} (MscI)*, *MC4R^{AG}*, *MC4R^{AA} (TaqI)* (схема 1). Дана рекомендація за інтенсивної технології виробництва свинини забезпечить одержання необхідного рівня потенційної генетичної різноманітності гібридного поголів'я.

Висновки.

1. Оцінено генетичну структуру досліджуваної популяції свиней (велика біла × ландрас) × Махгро ($n=104$) з використанням молекулярно-генетичних маркерів *CTSD (MscI)*, *MC4R (TaqI)*. За допомогою проведеного аналізу ПЛП-ПДРФ доведено можливість використання *QTL*-локусів *CTSD (g.70G>A)*, *MC4R (c.1426A>G)* для оцінки розподілу алельних частот та генотипів ДНК-маркерів серед досліджуваного стада гібридних свиней.

2. Відмічена присутність трьох генотипів за генотипом *MC4R^{AA}*, *MC4R^{AG}*, *MC4R^{GG}*, що вказує на породний аспект розподілення алельної частоти. Поліморфний характер гену *MC4R* надає усі підстави для проведення подальших досліджень та оцінки його впливу на відгодівельні якості свиней, з метою використання у якості породного ДНК-маркера.

3. Встановлено, що свині з мономорфним генотипом *MC4R^{AA}* 1-ї ($n=7$) та 2-ї групи ($n=8$) мають незначну загальну різницю середньодобового приросту за період відгодівлі +0,079 кг із перевагою у 9 діб за досягненням живої маси 100 кг на користь 2-ї групи свиней. Свині 1-ї та 2-ї групи з генотипом *MC4R^{AA}* та *MC4R^{AG}* переважають свиней з генотипом *MC4R^{GG}* за показником швидкості росту ($AGE100$) та ADG .

4. З'ясовано, що імунологічно-кастровані свині з генотипом *CTSD^{GA}* ($n=18$), *CTSD^{GG}* ($n=5$) та некастровані *CTSD^{GA}* характеризуються високими показниками ($AGE100$) та ADG на відмінну від некастрованих свиней з генотипом *CTSD^{GG}* ($n=9$).

5. Виявлений надлишок гетерозиготних генотипів на рівні ($F=-0,744$) для локусу *CTSD (MscI)* свідчить про високий рівень генетичної консолідації дослідженого стада гібридних свиней.

6. Гібридизація за використання кнурів термінальної лінії Махгро передбачає, що чистопородні тварини у якості ядра стада з гетерозиготним алельним станом будуть мати гетерозиготне потомство з властивими кращими показниками продуктивності.

Перспективи подальших досліджень. Подальша робота передбачає продовження досліджень у напрямку – підбору тварин з бажаними відгодівельними ознаками, перехід збалансованої системи алелей з мономорфного стану в поліморфний. Варто проводити

оцінку тварин на рівні достовірного генетичного потенціалу. Рекомендується продовжити проведення оцінки достовірно-генетичного потенціалу та визначення розпо-

ділу частот алелів та генотипів за ДНК-маркерами серед гібридного молодняка свиней за QTL-локусами CTSD (g.70G>A) та MC4R (c.1426A>G).

Бібліографічні посилання:

1. Balatsky V.N., Oliinychenko Y.K., Buslyk T.V., Bankovska I.B., Korinnyi S.N., Saienko A.M., Pochernyaev K.F. (2021). Associations of QTL Region Genes of Chromosome 2 with Meat Quality Traits and Productivity of the Ukrainian Large White Pig Breed. [Cytol Genet]. 55(1), 53–62. DOI: <https://doi.org/10.3103/S0095452721010023>
2. Berezovsky M. D. (2014). Vplyv materynskykh form na riven produktyvnosti hibrydnoho poholivia svynei. [Influence of mother forms on the level of productivity hybrid pigs]. Svynarstvo. 65, 48-53. URL: https://drive.google.com/file/d/1cfXQla5yVcvS-CPpBKODw-G_B8dPJGuv/view (in Ukrainian).
3. Berezovsky M. D., Vashchenko P. A. (2015). Varianty poiednan riznykh henotypiv svynei v systemi hibrydyzatsii. [Variants of combinations of different genotypes of pigs in the hybridization system]. Svynarstvo, 67, 38–43. URL: <https://drive.google.com/file/d/11pq23FR465dK1NuyGiG5AWpXgRIRgx0v/view> (in Ukrainian).
4. Korinny S.M., Pochernyaev K.F., Balatsky V.M. (2005). Sherst tvaryn yak zruchnyi ob'ekt vydilennia DNK dlia analizu za dopomohoiu PLR. [Animal fur as a convenient object of DNA extraction for PCR analysis]. Veterynarna biotekhnolohiia. 7, 80–83. (in Ukrainian).
5. Likhach V.Ya., Topikha V.S., Kalinichenko G.I., Tribat R.O., Lugovyi S. (2018). Porody svynei poshyreni v Ukraini. [Pig breeds are common in Ukraine]. Tekhnolohiia vyrobnytstva produktsii svynarstva. 64-67. URL: <https://dspace.mnau.edu.ua/jspui/bitstream/123456789/4444/1/tekhnohiiia%20vyrobnytstva%20produktsii%20svynarstva.pdf> (in Ukrainian).
6. Loban N.A., Sheiko I.P. (2013). Povysheniye otkormochnykh i myasnykh kachestv sviney metodami marker-zavisimoy selektsii. [Improving the fattening and meat qualities of pigs by methods of marker-dependent selection]. Genomnaya selektsiya v svinovodstve. Monografiya. g. Zhodino. izdatelstvo: Respublikanskoe unitarnoe predpriyatiye «Nauchno-prakticheskiy tsentr Natsionalnoy akademii nauk Belarusi po zhivotnovodstvu». 1.5, 37-40. (in Russian)
7. Martijn F.L.D., Marcos S.L., Mirte Bosse, Ole Madsen, Bert Dibbits, Barbara Harlizius, Martien A. M. G., Hendrik-Jan Megens. (2018). Balancing selection on a recessive lethal deletion with pleiotropic effects on two neighboring genes in the porcine genome. [PLoS Genet]. 14(9). DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1007661>
8. Russo V., Fontanesi L., Scotti E., Beretti F., Davoli R., Nanni Costa L., Virgili R., Buttazzoni L. (2008). Single nucleotide polymorphisms in several porcine cathepsin genes are associated with growth, carcass, and production traits in Italian Large White pigs. [Journal of Animal Science]. 86(12), 3300-3314. DOI: <https://doi.org/10.2527/jas.2008-0920>
9. Van den Broeke A., Aluwé M., Janssens S., Wauters J., Vanhaecke L., Buys N., Millet S., Tuytens F.A.M. (2015). The effect of the MC4R gene on boar taint compounds, sexual maturity and behaviour in growing-finishing boars and gilts. [Animal: in international journal of animal bioscience]. 9(10), 1688-1697. DOI: <https://doi.org/10.1017/s1751731115001135>
10. Van den Broeke A., Aluwé M., Tuytens F.A.M., Ampe B., Vanhaecke L., Wauters J., Janssens S., Coussé A., Buys N., Millet S. (2015). An intervention study demonstrates effects of MC4R genotype on boar taint and performances of growing-finishing pigs. [Journal of Animal Science]. 93(3), 934-943. DOI: <https://doi.org/10.2527/jas.2014-8184>
11. Vashchenko P., Balatsky V., Pochernyaev K., Voloshchuk V., Tsybenko V., Saenko A., Oliinychenko Y., Buslyk T., Rudoman, H. (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: <https://doi.org/10.15407/agrisp6.02.047>
12. Yuanmei Guo, Yixuan Huang, Lijuan Hou, Junwu Ma, Congying Chen, Huashui Ai, Lusheng Huang, Jun Ren. (2017). Genome-wide detection of genetic markers associated with growth and fatness in four pig populations using four approaches. [Genetics Selection Evolution]. 49(21). DOI: <https://doi.org/10.1186/s12711-017-0295-4>

Budakva Ye. O., Ph.D. student, Institute of Pig Breeding and Agroindustrial Production NAAS, Poltava, Ukraine

Bankovska I. B., Doctor of Agriculture, Institute of Pig Breeding and Agroindustrial Production NAAS, Poltava, Ukraine

Pochernyaev K. F., Doctor of Agricultural Sciences, Institute of Pig Breeding and Agroindustrial Production NAAS, Poltava, Ukraine

Zinoviev S. H., Candidate of Agricultural Sciences, Institute of Pig Breeding and Agroindustrial Production NAAS, Poltava, Ukraine

The use of marker breeding in the original breeds of pigs according to the indicators of genetic variability of their hybrid descendants

The paper provides an assessment of hybrid pigs in terms of fattening productivity: (AGE100) – age of reaching live weight of 100 kg and (ADG) – average daily gain, g/kg. Hybrid pigs were used in the experiment (Large White × Landrace) × Maxgro. Pigs of Irish selection are the basis of pork production in the conditions of SPE "Globinsky Pig Complex" LLC, Poltava region, where they are used as the parent form. The aim of the work was to investigate whether the distribution of allelic variants of genes of candidates provides fattening traits – cathepsin D CTSD (g.70 G>A) and melanocortin receptor 4 MC4R (c.1426 A>G) in a sample of hybrid pigs (Large White × Landrace) of the Maxgro terminal lineage, ensures sufficient genetic variability for associative analysis followed by marker selection. For the genotyping of a hybrid herd of pigs, pigs were divided into two groups. The first group included uncastrated pigs (n=60) to the second group – was immunologically castrated pigs (n=54). DNA isolation was performed from the bristles of the pig's ear using Chelex-100 ion exchange resin. To determine the influence of marker genes on the productive qualities of pigs, a PCR analysis method with restrict hydrolysis of fragments was used. Data processing of DNA genotyping results was carried out using GenAIEX6 software. Immunologically castrated pigs (n=8) with monomorphic genotype MC4R^{AA} (ADG=0,846kg/138days) uncastrated pigs predominate (n=7) by age reaching a live weight of 100 kg per 9 days. A similar situation is observed in pigs of the 2nd and 1st groups with the genotype

MC4R^{GG} with a slight difference in ADG +0.010 kg and AGE100 + 8 days (ADG=0,756 kg/152 days). A difference of 6 days in AGE100 is observed in pigs of the 1st group with the polymorphic genotype MC4R^{AG} (ADG=0,850 kg/150 days) and ADG-0,198 kg. Immunologically castrated pigs (n=5) with the CTSD^{GG} genotype outnumber uncastrated (n=9) in an average daily gain of 0.851 kg by 0.076 kg and the age of reaching a live weight of 100 kg/158 days for -14 days than uncastrated (ADG=0,851kg/144days). Pigs with the CTSD^{GA} genotype (n=27) of the 1st and 2nd groups (n=18) are characterized by uniform growth over the fattening period according to ADG and AGE100. Both alleles were detected by the melanocortin receptor locus 4 MC4R (c.1426A>G) and cathepsin D CTSD (g.70G>A). In SNP CTSD, the frequency of the allele G (0.576) is higher in frequency allele A (0.428). In the case of SNP MC4R, the allele A (0.554) is higher in frequency allele G (0.446). The obtained data allowed us to simulate the scheme: "Genotypic analysis and prediction of desired genotypes in descendants of the parent form of pigs (Large White × Landrace) Maxgro terminal line (n=104) by SNPs CTSD and MC4R". DNA typing by SNPs MC4R (c.1426 A>G) and CTSD (g.70 G>A) revealed their promising use in marker-associated selection. For the first time in Ukraine, the study of the distribution of frequencies and associations of these alleles and genotypes among pigs of the Maxgro terminal line has begun. The prospect is to continue research in the direction of a comprehensive analysis of the influence of the studied genes on the fattening qualities of the final hybrids using the Maxgro terminal line. The scheme of genotypic analysis is proposed, which is a fundamental direction for the practical implementation of marker selection in the production conditions of industrial pig breeding in Ukraine. The research was carried out with the support of the National Academy of Agrarian Sciences of Ukraine 31.01.00.07.F. "To investigate the pleiotropic effect of genes which SNP is used in marker-associated pig breeding." DR No. 0121U109838.

Key words: pigs, (Large White × Landrace), terminal line Maxgro, PCR-RFLP, CTSD (g.70 G>A), MC4R (c.1426 A>G), AGE100, ADG, genotype, polymorphism, breed DNA marker.