

mals had a high ability of nitrogen assimilation of feed-stuff and it is closely linked with enough high meat qualities of pigs of the Poltava Meat breed of different breeding herd. The physiologically-carrying experiment showed that metabolic processes in pigs of reciprocal combinations of boars and sows of different breeding herds occurred at a higher level and subjected them a better digestion of nitrogen compounds of feed-stuff. Meat of experimental pigs of all groups was located at the level of regulatory indexes and replied to the requirements of a high quality.

Key words: the Poltava Meat breed, reciprocal combination, physical and chemical qualities, carrying experiment, genotype.

УДК 577.21; 636.082

Метлицька О.І., доктор сільськогосподарських наук
Інститут розведення і генетики тварин НААН

Нор В.Ю., молодший науковий співробітник
Інститут свинарства і агропромислового виробництва НААН

ЗВ'ЯЗОК ПОЛІМОРФІЗМІВ ГЕНА ПЕРИЛІПІНУ З ВІДГОДІВЕЛЬНИМИ ЯКОСТЯМИ СВИНЕЙ ВЕЛИКОЇ БІЛОЇ ПОРОДИ

Рецензент – кандидат біологічних наук Т.В. Буслик

Представлено результати біометричного аналізу показників прижиттєвого вимірювання товщини шпигу у свиней великої білої породи української селекції на відгодівлі та їх середньодобові прирости, залежно від генотипу за двома поліморфними сайтами гена периліпіну (PLIN1 та PLIN2). Встановлено достовірний вплив поліморфних сайтів PLIN локусів 7966T>C, 4119A>G на показник товщини шпигу у свиней великої білої породи вітчизняної селекції.

Ключові слова: велика біла порода, товщина шпигу, поліморфізм гену периліпіну

Постановка проблеми. Із самого початку досліджень спадкового поліморфізму сільськогосподарських тварин, головним напрямком його застосування у практичній селекції став пошук зв'язків алельних варіантів генів з ознаками продуктивності. Теоретичною основою цього напрямку є уявлення щодо можливих генетичних асоціацій між алелями поліморфних систем та кількісними ознаками, прояв яких обумовлений взаємодією полігенів, здебільшого за механізмами адитивності, причому доля впливу кожного з цих генів на фенотиповий вираз ознаки, як правило, незначна. Окрім цього, ефективність реалізації генетичного потенціалу тварини, певним чином, залежить від комплексної взаємодії навколишнього середовища і механізмів функціонування її геному [1, 2].

Принципи маркер-асоційованої селекції полягають у застосуванні інформації про «головний» ген кількісної ознаки, що найбільш суттєво впливає на формування бажаного рівня продуктивності. Проте, якщо фізіологічна роль продуктів таких генів у організмі недостатньо визначена, не встановлена можливість їх антагоністичного плейотропного впливу на важливі адаптаційні та репродуктивні властивості організму, селекція тварин за такими поліморфними системами може призвести до негативних наслідків. У свинарстві прикладом антагоністичної плейотропії може слугувати інтен-

сивна селекція тварин на м'ясність, що призвело до розповсюдження в стадах спеціалізованих м'ясних порід свиней мутантного алеля гена рецептора ріанодина (RYR-1), що спричиняє розвиток стрес-синдрому та зниження якості м'ясної продукції (PSE-дефект м'яса: бліде, м'яке, ексудативне) [3].

Надмірне відкладення жиру у свиней може певною мірою вплинути на їх статеву поведінку, адже особини з надмірною вагою характеризуються ендокринними розладами, зниженням імунітету, розвитком серцево-судинних захворювань, що веде до їх вилучення із технологічного процесу відтворення. Утримання таких свиней є економічно не доцільним, тому раціони годівлі мають бути збалансованими і відповідати встановленим нормам для плідників, що інтенсивно використовуються в репродуктивних циклах племінних підприємств.

Аналіз основних досліджень і публікацій, у яких започатковано розв'язання проблеми. Жировідкладення суттєво детерміновано генотипом тварини. З розвитком маркер-асоційованої селекції та впровадженням її у свинарство, досліджена структура та функції низки локусів, що мають відношення до процесів депонування жиру. Серед них варто відмітити такі: *ADGI-5*, *BWT*, *BTNL1*, *COL21A1*, *PPARD*, *GLP1R*, *MDFI*, *GNMT*, *ABCC10*, *HMGAI* та *PLIN*- ген (ген периліпіну), поліморфізм якого ми і обрали для власних досліджень [4, 5].

За літературними даними, встановлений вірогідний зв'язок генотипу AG за поліморфним сайтом 4119 A>G (надалі в тексті - *PLIN1*) із зниженою товщиною шпику свиней порід ландрас та велика біла угорської селекції, генотипу AA - із збільшеними середньодобовими приростами тварини; особини генотипу GG характеризуються небажаною осаленістю туш при відгодівлі. За інсерцією 7966 T>C (надалі - *PLIN2*) встановлено існування аналогічних асоціацій між генотипом і певною відгодівельною ознакою свиней, причому бажаними генотипами визначені СТ для зменшення товщини шпику та ТТ для збільшення середньодобового приросту молодняка на відгодівлі [6].

Нашими попередніми дослідженнями була показана перспективність проведення маркерної селекції для підвищення середньодобових приростів та м'ясності у свиней великої білої української селекції і миргородської породи на чистопородній основі, завдяки високому рівню генетичного поліморфізму досліджуваних локусів периліпіну у цих популяціях [7].

Мета досліджень та методика їх проведення. Виявити існування кореляційного зв'язку між окремими генотипами *PLIN1* і *PLIN2*-локусів і товщиною шпику на рівні 6-7 хребців та середньодобовими приростами у свиней місцевих порід.

Піддослідними тваринами були свині порід велика біла української селекції (АФ СВК «Оржицька», Оржицький р-н Полтавської обл., ДПДГ «Степне», Полтавський р-н Полтавської обл., ПАФ «Україна», Великобагачанський р-н, Полтавська обл., ТОВ «Маяк» Котелевський р-н Полтавської обл.), що вирощувалися в умовах станції контрольної відгодівлі Інституту свинарства і АПВ НААН.

Вимірювання товщини шпику проводилося прижиттєво за використання ультразвукового приладу PigLog 105 (SFK Technology, Данія).

Біометричний аналіз даних: розрахунок середніх значень і статистичної помилки показників прижиттєвого вимірювання товщини шпику свиней великої білої породи на відгодівлі та їх середньодобові прирости, залежно від генотипу за двома поліморфними сайтами гена периліпіну (*PLIN1* та *PLIN2*) проводили за рекомендаціями Н.А.Плохинського [8]. Однофакторний дисперсійний аналіз для визначення сили впливу певного генотипу *PLIN* на окремі відгодівельні якості свиней проводили за використання стандартної комп'ютерної програми Microsoft Office Excel 2007.

Показник сили впливу певного генотипу на кількісну ознаку виконували за формулою:

$$D^2 = C_x / C_y$$

де: C_x - факторіальна дисперсія, C_y - загальна дисперсія.

Результати досліджень. Згідно даних таблиці, найбільшим показником осаленості туш характеризувались тварини з GG генотипом: 36,91±1,74, різниця порівняно із

тваринами альтернативних гомозиготних АА генотипів і АG гетерозигот достовірною ($p < 0,05$; $p < 0,01$, відповідно). Показник сили впливу D^2 генотипу поліморфного локусу 4119A>G гена периліпіну на кількісну ознаку (товщину шпику) виявився суттєвим і склав 0,277, тобто доля впливу генотипу за локусом периліпіну від загальної кількості всіх факторів, що визначають величину ознаки дорівнює 27,7%. Достовірність цього впливу підтверджується розрахунком значення емпіричного критерію F , абсолютна величина якого дорівнює 6,9 ($p < 0,01$).

Показники мінливості відгодівельних якостей свиней великої білої породи у відношенні різних генотипів за поліморфізмами гена периліпіну

| Ознаки продуктивності | Генотипи | | | | | | F | D^2 |
|-----------------------|---------------|--------------|-----|----------------|-----|--------------|--------|-------|
| | <i>PLIN 1</i> | | | | | | | |
| | АА | | АG | | GG | | | |
| | n | $X \pm Sx$ | n | $X \pm Sx$ | n | $X \pm Sx$ | | |
| т.шп. мм | 11 | 27,69±2,44* | 8 | 26,14 ± 3,55** | 20 | 36,91±1,74 | 6,90** | 0,277 |
| приріст,г | 14 | 740,43±44,48 | 10 | 900,00±57,52* | 22 | 848,11±31,23 | 0,52 | 0,023 |
| | <i>PLIN 2</i> | | | | | | | |
| | ТТ | | СТ | | CC | | | |
| т.шп. мм | 7 | 27,04±3,19* | 12 | 27,75±2,77* | 20 | 36,48±1,81 | 5,29* | 0,227 |
| приріст,г | 11 | 722,64±45,85 | 12 | 872,92±56,58* | 22 | 851,25±31,08 | 1,39 | 0,126 |

Примітка: * $p < 0,05$, ** $P < 0,01$, *** $P < 0,001$

У відношенні впливу поліморфізму гена периліпіну за сайтом заміни А-G, варіаційними методами статистики не вдалося виявити достовірного впливу відповідних генотипів на показник середньодобового приросту у свиней великої білої породи. Незначна тенденція до збільшення приростів у тварин гетерозиготних генотипів над гомозиготами (на 17,73% більше порівняно з АА, ($p < 0,05$) і на 5,77% порівняно із GG) не мало суттєвого математичного значення, що підтверджено і даними дисперсійного аналізу: значення критерію F не перевищувало 0,52, а параметр сили впливу генетичного фактора на досліджувану ознаку склав лише 2,3%.

Тварини з генотипом CC поліморфного сайту *PLIN2* локусу також вірогідно переважали особин альтернативного гомо- та гетерозиготного генотипів (ТТ та СТ, $p < 0,05$) за показниками середньодобових приростів, проте значимість такої різниці була менш суттєвою, ніж для поліморфного сайту 4119A>G. Показник сили впливу генотипу на прояв фенотипової ознаки також був меншим, але достовірним ($p < 0,05$ $F = 5,29$) і склав 22,7%. Таким чином, обидва досліджувані поліморфні сайти гена периліпіну слід розглядати як потенційні генетичні маркери для селекції свиней на зниження осаленості туш.

Відносно зв'язку 7966Т>С поліморфізму із середньодобовими приростами свиней, статистично значимих закономірностей за використання однофакторного дисперсійного аналізу встановити не вдалося. Проте відмічено тенденції щодо підвищення приростів у свиней гетерозиготних генотипів СТ на рівні 872,92±56,58, порівняно з гомозиготами ТТ ($p < 0,05$), відносно альтернативної гомозиготи CC статистично значуща різниця не виявлена, а саме показник впливу генотипу на ознаку «середньодобовий приріст» у свиней великої білої породи виявився на рівні 12,6%.

Висновки. Встановлено достовірний вплив поліморфних сайтів *PLIN* локусів 7966Т>С, 4119А>G на показник товщини шпику у свиней великої білої породи. Сила впливу 4119А>G та 7966Т>С поліморфізмів гена периліпіну на показник товщини шпику свиней великої білої породи вітчизняної селекції склав 27,7% та 22,7%, відповідно ($p < 0,01$; $p < 0,05$). Для виключення негативного плейотропного впливу гена периліпіну на формування репродуктивних ознак свиней, обов'язковим напрямом подальших досліджень повинно бути встановлення бажаних генотипів для материнської

і батьківської гомозиготних ліній за альтернативними алелями *PLIN*-локусу. Головною умовою можливості використання запропонованого підходу в умовах племінних підприємств є збереження високої фертильності батьківських форм для отримання від цього поєднання гетерозиготного молодняка із підвищеними відгодівельними якостями на чистопородній основі.

БІБЛІОГРАФІЯ

1. Буркат В. П. Состояние и перспективы развития генетической службы в животноводстве Украины / В.П. Буркат, М.В. Дидык // Молекулярно-генетические маркеры животных: тез. докл. I междунар. конф. по молекулярно-генетическим маркерам животных, 27–29 января 1994 г., Киев. – К.: Аграрна наука, 1994. – С. 125–126.
2. Зубець М. В. Перспектива розвитку біотехнологій в УААН / М.В.Зубець // Використання сучасних молекулярно-генетичних і біотехнологічних розробок у генетико-селекційних дослідженнях: зб. матеріалів 2-ої міжнар. конф. – К.: Аграрна наука, 1998. – С. 3-6.
3. Брэм Г. Использование в селекции свиней молекулярной генной диагностики злокачественного гипертермического синдрома (MHS) / Г.Брэм, Б.Бреннинг // Генетика. – 1993. – Т.29, №6. – С. 1009-1013.
4. G. Liu. A genome scan reveals QTL for growth, fatness, leanness and meatquality in a Duroc-Pietrain resource population / G.Liu, D.G.J.Jennen, E.Tholen, H.Juengst, T.Kleinwachter, M.Holker, D.Tesfaye, G.Un, H.-J.Schreinemachers, E.Murani, S.Ponsuksili, J.-J.Kim, K.Schellander and K.Wimmers // Animal Genetics. - №38. – 2007. – P. 241-252.
5. W.H.Huang. Detection of novel SNP's and mapping of the fatness QTL on pig chromosome 7q1.1-1.4 region / W.H. Huang, Z.X. Ma, Z.Y. Xu, Y.Z. Xiong and B. Zuo // Genetics and Molecular Research. - №10 (4). – 2011. – P. 3090-3097.
6. Z. Vykoukalova. Porcine perilipin (PLIN) gene: Structure, polymorphism and association study in Large White pigs / Z. Vykoukalova, A. Knoll1, S. Šepica // Czech J. Anim. Sci. – 2009. – №54(8). – P. 359–364.
7. Нор В.Ю. Генетична структура порід свиней різного напрямку продуктивності за геном периліпіну // Свинарство. – 2012. – №61. – С. 145-149.
8. Плохинский Н.А. Руководство по биометрии для зоотехников.- М.: Колос, 1969.- 255 с.

Метлицкая Е.И., Нор В.Ю. Связь полиморфизмов гена перилипина с откормочными качествами свиней крупной белой породы.

Представлены результаты биометрического анализа показателей прижизненного измерения толщины шпика у свиней крупной белой породы украинской селекции на откорме и их среднесуточные привесы, в зависимости от генотипа по двум полиморфным сайтам гена перилипина (PLIN1 и PLIN2). Установлено достоверное влияние полиморфных сайтов PLIN локусов 7966T>C, 4119A>G на показатель толщины шпика у свиней крупной белой породы отечественной селекции.

Ключевые слова: крупная белая порода, толщина шпика, полиморфизм гена перелипина.

O.I. Metlytska, V.Yu. Nor. The correlation of polymorphisms of a gene perilipin with fattened qualities of pigs of Large White breed.

It has been presented the result of biometrics analysis of indexes at living measurement of the thickness of fat in pigs of the Large White breed Ukrainian selection on fattening and their average day gains depend on a genotype for two polymorphous sites of a gene perilipin (PLIN1 and PLIN2). It was determined the reliable influence of polymorphous sites PLIN locuses 7966T>C, 4119A>G

on the index of the thickness of fat in pigs of the Large White breed domestic selection.

Key words: the Large White breed, thickness of fat, polymorphism of a gene perilipin.

УДК 636. 4.082

Онищенко А.О., кандидат сільськогосподарських наук
Інститут свинарства і агропромислового виробництва НААН

ПРОМИСЛОВЕ СХРЕЩУВАННЯ І ГІБРИДИЗАЦІЯ, ЇХ ЕФЕКТИВНІСТЬ У СВИНАРСТВІ

Рецензент – кандидат сільськогосподарських наук І.В. Хатько

У статті розглянуто основні види промислового схрещування і гібридизації та ефективність їх застосування в промисловому свинарстві. Автором наведено різні варіанти поєднання кнурів і свиноматок з використанням чистопородних та помісних тварин. Запропоновано для відгодівлі використовувати трьохпородні гібриди, оскільки такі генотипи дадуть змогу отримати високі відгодівельні якості, а також високий вміст м'яса в тушах тварин.

Ключові слова: гібридизація, генотип, схрещування, термінальні кнури.

Постановка проблеми. Як свідчать спеціальні спостереження і світовий досвід, інтенсифікація свинарства та покращення якості свинини значною мірою залежать від стану й розвитку племінної бази, кількості племінних тварин різних порід, рівня їх продуктивності, генетичного потенціалу та цілеспрямованої селекційно-племінної роботи. Кінцева мета селекційного процесу - підвищення продуктивності тварин у товарних стадах. Вирішується це питання завдяки спеціально розробленим регіональним системам розведення, які включають три методи: чистопородне розведення, схрещування і гібридизацію. А це потребує від фахівців відповідних теоретичних знань, практичних навичок щодо оцінки, добору і підбору тварин, аналізу й планування розвитку галузі.

Аналіз основних досліджень і публікацій, в яких започатковано розв'язання проблеми. Сучасне промислове свинарство найрозвинутіших країн світу базується на широкому застосуванні міжлінійного схрещування і гібридизації, які забезпечують стійку й гарантовану передачу потомству високих відтворювальних, відгодівельних та м'ясних якостей, зокрема підвищення багатоплідності (на 5-7%), середньодобового приросту (на 8-10%), зниження витрат корму на 1 кг приросту (на 3-5%) [1, 2, 3].

Вченими України, Росії, Білорусії та інших країн СНД розроблено чимало сучасних рекомендацій щодо застосування промислового схрещування і породно-лінійної гібридизації в умовах промислової технології з використанням вітчизняних та імпортованих генотипів свиней [4, 5, 6, 7].

Правильна організація міжпородного схрещування дає можливість поєднувати в нащадках цінні властивості обох порід і в результаті цього отримане помісне поголів'я, в оптимальних умовах годівлі й утримання, скоріше відгодовується і має вищу оплату корму.

Мета досліджень та методи їх проведення. Метою досліджень є аналіз літературних даних і власних науково-господарських досліджень, які отримані автором із проблеми застосування промислового схрещування та гібридизації у свинарстві. Для цього була проведена детальна обробка матеріалів із досліджуваної теми.