

И. А. Погорельский¹, Г. Н. Сердюк¹, Ю. В. Иванов²

Влияние генотипов генов гипофизарного фактора транскрипции (*POU1F1*) и соматотропина (*GH*) на мясные и откормочные качества помесных свиней

Аннотация. Методами ПЦР — ПДРФ проведено генотипирование популяции помесных свиней йоркшир х ландрас х дюрок ($n=149$) и определена частота встречаемости генотипов генов *POU1F1/RsaI* и *GH/FokI* и их влияние на откормочные и мясные качества продуктивности.

Частота встречаемости генотипов гена *POU1F1* составила: $EE — 0,194$; $EF — 0,677$ и $FF — 0,127$. Отмечена высокая частота обеих аллелей $E — 0,533$, а аллеля $F — 0,466$. Свиньи с генотипом FF по сравнению со свиньями с генотипом EE имеют достоверно большие массу и длину полутуши, среднесуточный привес, меньшую затрату корма на 1 кг прироста ($p<0,05$) и возраст достижения живой массы 100 кг ($p<0,01$).

Частота встречаемости генотипов гена *GH* составила: $AA — 0,047$; $AG — 0,416$ и $GG — 0,537$. Частота встречаемости аллеля A составила $0,255$, а аллеля $G — 0,745$. Свиньи с генотипом GG по сравнению со свиньями с генотипом AA имеют достоверно большую массу и длину полутуши ($p<0,01$), среднесуточный привес, меньшую затрату корма на 1 кг прироста и возраст достижения живой массы 100 кг ($p<0,05$).

Ключевые слова: помесные свиньи, свиноводство, локусы количественных признаков (QTL), ген гипофизарного фактора транскрипции (*POU1F1*), ген соматотропина (*GH*), масса полутуши, длина полутуши, среднесуточный привес, затрата корма на 1 кг прироста, возраст достижения живой массы 100 кг.

Авторы:

Погорельский Иван Андреевич — ведущий ветеринарный врач лаборатории полиморфизма ДНК; e-mail: rogia@mail.ru;

Сердюк Григорий Николаевич — главный научный сотрудник лаборатории полиморфизма ДНК, доктор биологических наук, профессор; e-mail: labimmgen@mail.ru;

Иванов Юрий Витальевич — ассистент кафедры эпизоотологии им. В. П. Урбана, кандидат ветеринарных наук, e-mail: ivanov0910@bk.ru.

¹ ВНИИГРЖ — филиал ФГБНУ «ВИЖ им. академика Л. К. Эрнста», 196691, Россия, Санкт-Петербург, Пушкин, Московское шоссе, 55а.

² ФГБОУ ВО «Санкт-петербургская государственная академия ветеринарной медицины», Россия, Черниговская ул, 5.

Введение. В настоящее время у свиней идентифицирован ряд важных хромосомных регионов, связанных с хозяйственно полезными признаками, представляющими экономический интерес. К ним относят гены, отвечающие за синтез факторов внутренней секреции, такие как ген гипофизарного фактора роста *POU1F1* и ген гормона роста (соматотропина) — *GH*.

Ген *POU1F1* регулирует синтез гипофизарного фактора транскрипции, пролактина (PRL), тиреотропного гормона (TTG) [1]. По мнению ряда исследователей, ген *POU1F1* является одним из перспективных генов-кандидатов откормочной и мясной продуктивности свиней [2, 3]. У свиней локус *POU1F1* картирован на 13 хромосоме (SSC13). Полиморфизм гена *POU1F1/RsaI* обусловлен точечной мутацией в 4 интроне, приво-

дящей к образованию двух аллелей — E и F [4]. Исследовавшие эту замену Yu et al. (1995) выявили ее взаимосвязь с параметрами роста свиней, толщиной подкожного жира и весом поросят при рождении. В то же время изучение взаимосвязи генотипов гена *POU1F1* с мясными и откормочными показателями у свиней пород пьетрен и крупная белая, проведенные Silveira A. C. P. et al. [5] показали отсутствие достоверных различий между свиньями с разными генотипами. Л. В. Гетманцевой и др. [3] получены иные показатели продуктивности. По их данным наличие генотипа EE у свинок породы дюрок связано с лучшей скороспелостью, среднесуточным приростом, длиной туловища и меньшей толщиной шпика. Наличие генотипа EF у хрячков связано с лучшей скороспелостью, генотип EE ассоциирован с лучшими мясными и откормочными показателями.

Что касается помесного поголовья, то изучение взаимосвязи генотипов гена *POU1F1* с мясными и откормочными качествами показало другие результаты. С. Brunsch и др. на базе Университета Гумбольта (Берлин) и Краковского аграрного университета было проведено исследование полиморфизма гена *POU1F1* в семьях помесных свиней, полученных в результате скрещивания свиноматок европейского дикого кабана и мейшанской породы с хряками породы пьетрен. В результате исследований гибридов мейшанской породы не было установлено взаимосвязи генотипов гена *POU1F1* с хозяйственно полезными признаками. У гибридов дикого кабана подобная взаимосвязь обнаружена с аллелем F. При этом необходимо отметить, что у исследованных гибридов дикого кабана аллель E гена *POU1F1* встречалась только в виде гетерозиготы. Лучшие показатели: живая масса, масса туши, масса полутуши, длина полутуши имели свиньи с генотипом EF. При этом от свиней с генотипом FF их отличало и меньшее потребление корма. Отсутствие у свиней генотипа EE не дало исследователям возможности сделать полноценный вывод о влиянии аллеля E на продуктивность свиней.

Проведенное M. Pierzchala et al. [2] изучение взаимосвязи генотипов гена *POU1F1/RsaI* у свиней, полученных путем спаривания хряков четырех пород (польский ландрас, польская крупная белая, дюрок или пьетрен) с помесными свиноматками (польский ландрас × польская крупная белая) показало лучшие откормочные и мясные показатели у свиней с гомозиготным генотипом FF. В частности, у свиней с данным генотипом оказались достоверно выше выход мышечной ткани, среднесуточный привес и меньший возраст достижения массы 100 кг по сравнению со свиньями с генотипом EE, а у свиней с генотипом EE толщина шпика оказалась достоверно больше.

Следовательно, на помесном поголовье свиней проведенные исследования также, как и на чистопородном поголовье свиней не дают точного ответа на вопрос о «желательных» генотипах гена *POU1F1*.

Большой интерес вызывает ген **соматотропина (GH)** в связи с тем, что соматотропин принимает непосредственное участие в процессах метаболизма, в частности синтезе белка. Как сообщает ряд авторов [7, 8], инъекции свиного соматотропина (PST) увеличивают прирост мышечной ткани и уменьшают прирост жировой ткани в процессе роста свиньи. Ген соматотропина свиней локализован в 12 паре хромосом в регионе 1.4. [9]. Ген включает 5 экзонов и 4 интрона. Исследованиями Knorr C. et al. [10] была выявлена нуклеотидная

замена G A в позиции 316. На ее основании был установлен полиморфизм гена G316 (*GH/FokI*) и установлены его аллели A и G. В последующих исследованиях было выявлено влияние аллеля G на мясные и откормочные качества свиней разных пород. Так, D.A. de Faria et al. [11] на поголовье помесных свиней (n=840) установлена взаимосвязь генотипов гена GH с мясными признаками продуктивности. Самые высокие показатели мясности были у свиней с генотипами GG и AG.

R. Biziene et al. [9] на свиньях литовской белой, крупной белой пород, ландрасах, йоркширах и гибридах различных типов скрещивания также установили положительное влияние аллеля G на откормочные и мясные признаки продуктивности.

Колосовым А. Ю. и др. [12] на базе Донского ГАУ на свиньях породы ландрас также показано положительное влияние аллеля G гена GH на показатели роста и развития свиней, однако статистически достоверных различий выявлено не было.

Цель исследований — изучить полиморфизм генов гормона роста (*GH*) и гипоталамического фактора транскрипции (*POU1F1*) у помесных свиней и установить взаимосвязь генотипов данных генов с мясными и откормочными качествами.

Материалы и методы. Объектом исследования были помесные свиньи йоркшир × ландрас × дюрок, принадлежащие ОАО «Агрохолдинг «Пулковский» Лужское отделение. Постановка поросят на откорм производилась при массе 30 кг, в возрасте 84 дня. Убой производился в возрасте 180 дней (n=149).

Взятие крови и определение мясных качеств свиней проводилось на убойной линии ОАО «Агрохолдинг «Усть-Волмский» (Новгородская область, Крестецкий район). Массу полутуши, длину полутуши, площадь «мышечного глазка», толщину шпика, содержание мышечной ткани в полутуше определяли по используемым на предприятии методикам.

Определение откормочных показателей проводилось по материалам зоотехнического учета. Определяли среднесуточный привес, затраты корма на 1 кг привеса, возраст достижения живой массы 100 кг.

Выделение ДНК из крови проводили набором «Экстран-1» по инструкции от производителя. Концентрацию ДНК после выделения определяли флуорометром Qubit 3.0.

При типировании свиней по генам *POU1F1* и *GH*, использовались методы: полимеразной цепной реакции (ПЦР) и определения полиморфизма длин рестрикционных фрагментов (ПДРФ) путём горизонтального электрофореза в агарозном

геле с последующей визуализацией. Условия реакций приведены в табл. 1

Число и длину полученных фрагментов рестрикции определяли электрофорезом в 2,0% агарозном геле в буфере TBE при УФ-свете, после окрашивания бромистым этидием. Фиксация и обработка результатов выполнялась с помощью видеосистемы Gel Imager 2 (ООО Компания «Хеликон» Россия) и программы Gel Imager (Ru).

Частоту встречаемости генотипов и отдельных аллелей рассчитывали общепринятыми методами. Для статистической обработки данных использовали программу Microsoft Excel. Достоверность различий между генотипами по хозяйственно полезным признакам определяли по t-критерию Стьюдента.

Результаты и обсуждение.

Полиморфизм гена гипофизарного фактора транскрипции *POU1F1* и его влияние на мясные и откормочные показатели помесных свиней.

Произведенное определение частоты встречаемости аллелей и генотипов гена *POU1F1/RsaI* показало практически равное соотношение в изу-

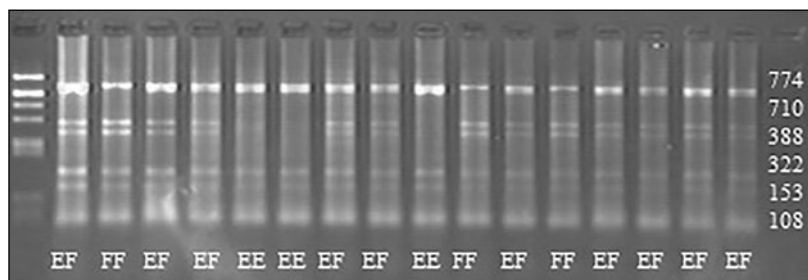


Рис. 1. Электрофореграмма генотипов гена гипофизарного фактора транскрипции свиней (*POU1F1*)

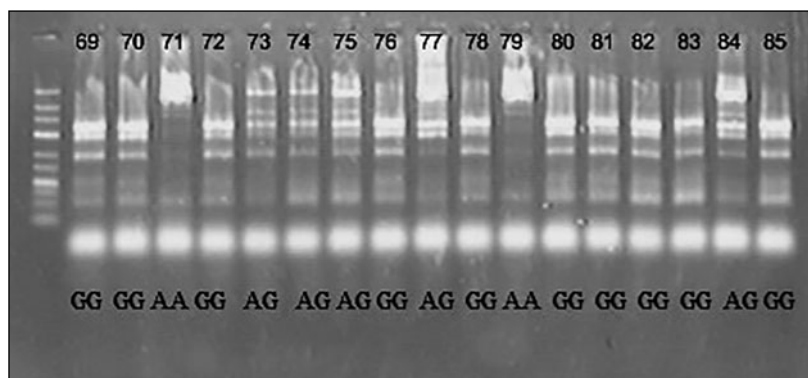


Рис. 2. Электрофореграмма генотипов гена соматотропина свиней (GH)

Таблица 1. Условия проведения ПЦР и ПДРФ для изучения полиморфизма генов *GH* и *POU1F1* у свиней

Ген	Праймеры	Амплификация	Эндонуклеаза рестрикции
<i>POU1F1</i>	POU1F1: 5'- AGT-GTA-GCC-AGA-GCA-TCT- 3' POU1F2: 5' –ACC –ACA-TCT-GCA-CAC-TCA- 3' (Yu et al. 1994)	95°C – 4 мин. 95°C – 30 сек. 59°C – 30 сек.} 34 цикла 72°C – 20 сек 72°C – 5 мин.	RsaI 37°C – 8 часов
<i>GH</i>	GH1: 5'-TTA-TCC-ATT-AGC-ACA-TGC-CTG-CCA-G-3' GH2: 5'-CTG-GGG-AGC-TTA-CAA-ACTC-CTT-3' (Knorr et al. 1997)	95°C – 1 мин. 95°C – 15 сек. 59°C – 15 сек.} 34 цикла 72°C – 20 сек. 72°C – 5 мин.	FokI, 55°C – 3 часа

Таблица 2. Характеристика фрагментов рестрикции аллельных вариантов изучаемых генов свиней

Генотипы гена	Амплификат (п.н.)	Длина фрагментов рестрикции (п.н.)		Маркер молекулярного веса
POU1F1/RsaI (Yu et al. 1994)				
			Присутствуют во всех генотипах, согласно методике генотипирования	
EE	1746	710	(774,153,108)	pBR322 DNA/ AluI Marker
EF	1746	710, 388,322	(774,153,108)	
FF	1746	388,322	(774,153,108)	
GH/FokI (Knorr et al. 1997)				
AA	604	604		pBR322 DNA/ AluI Marker
AG	604	604, 345,259		
GG	604	345,259		

чаемой выборке аллелей Е и F (0,533 против 0,466) (табл. 3). Анализ частот встречаемости генотипов показал достоверные различия между фактической частотой их встречаемости и теоретически ожидаемой и смещение генного равновесия в выборке в сторону аллеля Е ($P=0,999$).

Сравнительный анализ показателей продуктивности свиней показал положительное влияние аллеля F гена *POU1F1* на мясные и откормочные качества свиней (табл. 4).

Мясные и откормочные показатели у свиней с генотипом FF оказались выше, чем у свиней с генотипами EE и EF. Свиньи с генотипом FF имеют большую массу и длину полутуши, больший среднесуточный привес и меньшую затрату корма на 1 кг привеса и возраст достижения веса 100 кг, чем свиньи с генотипом EE (различия достоверны).

Результаты наших исследований согласуются с исследованиями M. Pierzchala et al., [2]. По их данным у помесных свиней с генотипом FF у свиней были достоверно выше выход мышечной ткани, среднесуточный привес и меньший возраст достижения массы 100 кг по сравнению со свиньями с генотипом EE. При этом у свиней с генотипом EE толщина шпика оказалась достоверно больше, чем у свиней с другими генотипами гена *POU1F1*. В результате наших исследований было установлено, что среднесуточный привес у свиней с генотипом FF оказался достоверно больше, чем у свиней с генотипом EE, а возраст достижения живой массы 100 кг у них был тоже достоверно

меньше. При этом достоверных различий по выходу мышечной ткани между генотипами FF и EE отмечено не было. Толщина шпика по результатам наших исследований у свиней с генотипом EE также оказалась больше, но достоверных различий не было. Исследования же Л. В. Гетманцевой и др. [3] вообще противоречат выводам из наших исследований: у свинок дюрок породы генотип EE ассоциировался с лучшей скороспелостью, среднесуточным приростом, длиной туловища и меньшей толщиной шпика. В то время, как у хрячков генотип EF был связан с лучшей скороспелостью, а генотип EE, — с лучшими мясными и откормочными показателями. Исследования взаимосвязи генотипов гена *POU1F1/RsaI* с мясными и откормочными показателями у свиней пород пьетрен и крупная белая, проведенные Silveira A.C.P. et al. [5] показали отсутствие достоверных различий между свиньями с разными генотипами.

Таким образом, исследования влияния генотипов *POU1F1/RsaI* в выборках свиней разных пород и помесей дали противоречивые результаты. В пользу продолжения исследований взаимосвязи гена *POU1F1/RsaI* говорят исследования, проведенные М. М. Franco et.al. [13]. В гипофизах 46 хрячков породы ландрас методом ПЦР обратной транскрипции (ОТ ПЦР) был определен уровень транспортных РНК (мРНК) гормона соматотропина. У хрячков с генотипом EF относительное содержание мРНК соматотропина оказалось достоверно выше, чем у хрячков с генотипом EE. Дан-

Таблица 3. Полиморфизм гена гипофизарного фактора транскрипции *POU1F1* у помесных свиней йоркшир × ландрас × дюрок

Показатель	Генотип			Аллель	
	EE n=29	EF n=101	FF n=19	Е	F
Частота встречаемости:	0,194	0,677	0,127	0,533	0,466

Таблица 4. Мясные и откормочные показатели свиней с разными генотипами гена гипофизарного фактора транскрипции (*POU1F1*) у помесных свиней йоркшир × ландрас × дюрок

Показатель	EE (n=29)	EF (n=101)	FF (n=19)
Масса полутуши, кг	41,07±0,54	41,42±0,29	42,99±0,55*
Длина полутуши, см	98,14±0,25	98,20±0,14	99,19±0,30*
Площадь мышечного глазка, см.кв.	43,03±0,30	43,18±0,18	43,72±0,36
Толщина шпика, мм	22,78±0,35	22,45±0,23	22,36±0,44
Выход мышечной ткани, %	56,75±1,14	56,85±0,55	57,47±0,64
Среднесуточный привес, г	828,72±15,81	837,94±8,04	881,87±15,36*
Затраты корма на 1 кг привеса, к.ед	3,71±0,08	3,67±0,04	3,47±0,06*
Возраст достижения живой массы 100 кг, дн.	169,37±0,73	168,36±0,87	163,82±1,48**

* Различия между генотипами EE и FF достоверны при $p<0,05$;

** Различия между генотипами EE и FF достоверны при $p<0,01$.

ный факт представляет интерес для дальнейших исследований в связи с тем, что именно синтез соматотропина является механизмом экспрессии гена *POU1F1*.

Полиморфизм гена соматотропина (GH) и его влияние на мясные и откормочные показатели помесных свиней.

Произведенное определение частоты встречаемости аллелей и генотипов гена GH показало преобладание в изучаемой выборке аллеля G над аллелем A (0,745 против 0,255) (табл. 5).

Проведенный сравнительный анализ влияния генотипов гена GH на хозяйственно полезные признаки свиней показал положительное влияние аллеля G на откормочные качества молодняка и отрицательное влияние на них аллеля A (табл. 6).

Свиньи с генотипом GG имели большие мясные показатели по сравнению со средними значениями по выборке (массу, длину полутуши и площадь мышечного глазка) и откормочные показатели (среднесуточный привес, возраст достижения живой массы 100 кг и затраты корма на 1 кг привеса). Различия по этим показателям с генотипом AA оказались статистически достоверными.

Полученные нашими исследованиями результаты подтверждают в целом данные других исследователей. В частности, исследования R. Biziene et al. [9] и Колосова А. Ю. с соавт. [12], проведенные на чистопородных свиньях и помесях различных вариантов скрещивания, также установили положительное влияние аллеля G гена GH на откормочные и мясные качества свиней. Свиньи с генотипом GG быстрее других достигали веса 100 кг, имели меньшую толщину шпика и большую длину туловища, однако исследователями не было выявлено достоверных различий между генотипами GG и AA.

Заключение. На основании результатов наших исследований можно сделать выводы о положительном влиянии аллеля F гена *POU1F1* и аллеля G гена GH на мясные и откормочные признаки помесных свиней йоркшир × ландрас × дюрок. «Желательным» генотипом гена *POU1F1/RsaI* в изученной популяции свиней оказался генотип FF, а для гена GH/*FokI* — генотип GG. Сделанные выводы подтверждают результаты других исследователей, что позволяет утверждать о том, что эти гены можно отнести к локусам количественных признаков свиней (QTLs) и активно применять в селекции свиней.

Таблица 5. Полиморфизм гена соматотропина (GH) у помесных свиней Йоркшир × ландрас × дюрок (n=149)

Показатель	Генотип			Аллель	
	AA n=7	AG n=62	GG n=80	A	G
Частота встречаемости	0,047	0,416	0,537	0,255	0,745

Таблица 6. Мясные и откормочные показатели свиней с разными генотипами гена соматотропина (GH) у помесных свиней Йоркшир × ландрас × дюрок

Показатель	AA (n=7)	AG (n=62)	GG (n=80)
Масса полутуши, кг	40,24±0,62	41,36±0,42	41,86±0,28**
Длина полутуши, см	97,32±0,32	98,13±0,18	98,56±0,15**
Площадь мышечного глазка, см.кв.	41,84±0,75	43,07±0,19	43,43±0,20*
Толщина шпика, мм	23,57±0,42	22,57±0,32	22,56±0,21 *
Выход мышечной ткани, %	55,71±1,30	56,93±0,90	57,22±0,37
Затраты корма на 1 кг привеса, к.ед	3,79±0,08	3,69±0,06	3,60±0,03 *
Среднесуточный привес, г	805,35±17,37	836,63±11,18	849,63±7,81*
Возраст достижения живой массы 100 кг, дн.	171,15±1,79	168,83±1,39	166,91±0,77*

*различия между генотипами AA и GG достоверны при $p < 0,05$;

**различия между генотипами AA и GG достоверны при $p < 0,01$.

Работа выполнена в рамках госзадания, шифр № 0600-2018-0014

Литература

1. Михайлов Н. В. Перспективные гены-маркеры продуктивности свиней / Н. В. Михайлов, Н. А. Святогоров, Е. М. Бублик // Вестник Донского Государственного аграрного университета. — 2013. — С. 16–19.

2. Pierzchała M. Growth rate and carcass quality in pigs as related to genotype at loci *POU1F1*/RsaI (Pit1/RsaI) and *GHRH*/AluI / M. Pierzchała, T. Blicharski, J. Kurył // Animal Science Papers and Reports. — 2003. — Vol. 21. — P. 159–166.
3. Гетманцева Л. В. Влияние гена *POU1F1* на откормочные и мясные качества свиней / Л. В. Гетманцева, О. Л. Третьякова, А. Е. Святогорова, А. В. Усатов, Н. А. Святогоров, М. А. Леонова // Современные проблемы науки и образования. — 2015. — № 2–1. — URL: <http://science-education.ru/ru/article/view?id=20939> (дата обращения: 26.10.2018).
4. Yu T. P. Association of PIT1 polymorphisms with growth and carcass traits in pigs / T. P. Yu, C. K. Tuggle, C. B. Schmitz, M. F. Rothschild // J Anim Sci. — 1995. — Vol. 73. — P. 1282–1288.
5. Silveira A.C.P. PIT1 gene polymorphism in Pietrain and Large White pigs after divergent selection / A.C.P. Silveira, T. F. Braga, J. F. Almeida, R. C. Antunes, P. F. A. Freitas, A. S. M. Cesar, E. C. Guimarães // Genetics and Molecular Research. — 2009. — Vol. 8 (3). — P. 1008–1012.
6. Brunsch C. Analysis of associations of PIT1 genotypes with growth, meat quality and carcass composition traits in pigs / C. Brunsch, I. Sternstein, P. Reinecke, J. Bieniek C. Brunsch, I. Sternstein, P. Reinecke, J. Bieniek // J. Appl. Genet. — 2002. — Vol. 43 (1). — P. 85–91.
7. Etherton T. D. The biology of somatotropin in adipose tissue growth and nutrient partitioning // J. Nutr. — 2000. — Vol. 130. — P. 2623–2625.
8. Cheng W. T. K. Growth hormone gene polymorphisms and growth performance traits in Duroc, Landrace and Tao-Yuan pigs / W. T. K. Cheng, C. H. Lee, C. M. Hung, T. J. Chang, C. M. Chen // Theriogenology. — 2000. — Vol. 54. — P. 1225–1237.
9. Bižienė R. Effects of single nucleotide polymorphism markers on the carcass and fattening traits in different pig populations / R. Bižienė, K. Morkūnienė, R. Mišeikienė, N. Pečiulaitienė, N. Makštutienė and E. Šlyžius // Journal of Animal and Feed Sciences. — 2018. — Vol. 27. — P. 255–262 <https://doi.org/10.22358/jafs/95020/2018>.
10. Knorr C. Associations of GH gene variants with performance traits in F2 generations of European wild boar, Piétrain and Meishan pigs / C. Knorr, G. Moser, E. Müller, H. Geldermann // Anim. Genet. — 1997. — Vol. 28. — P. 124–128. — <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.1997.00093.x>.
11. De Faria D. A., Association between G316A growth hormone polymorphism and economic traits in pigs / D. A. de Faria, S. E. F. Guimaraes, P. S. Lopes, A. V. Pires, S. R. Paiva, B. P. Sollero, A. A. Wenceslau // Genetics and molecular Biology. — 2006. — Vol. 29 (4). — P. 634–640.
12. Колосов А. Ю. Полиморфизм гена гормона роста (GH) и его связь с продуктивностью свиней породы ландрас / А. Ю. Колосов, М. А. Леонова, Л. В. Гетманцева // Международный научно-исследовательский журнал. — 2016. — № 9 (51). — Часть 3. — С. 116–118.
13. Franco M. M. Association of a PIT1 gene polymorphism with growth hormone mRNA levels in pig pituitary glands / M. M. Franco, C. A. Robson, M. O. Katiana, C. D. Pereira, F. H. Biase, F. M. Franco Nunes and L. R. Goulart // Genetics and Molecular Biology. — 2005. — Vol. 28 (1). — P. 16–21.

Pogorelsky I.¹, Serdjuk G.¹, Ivanov Yu.²

The influence of genotypes of pituitary transcription factor gene (*POU1F1*) and growth hormone gene (*GH*) on meat and fattening qualities in the crossbred pigs

Abstract. By the PCR-RFLP methods was determined the frequency of the genotypes of the *POU1F1* / RsaI and *GH* / FokI genes in the population of hybrid pigs Yorkshire x Landrace x Duroc (n=149) and their effect on fattening and meat productivity.

The genotype frequency of the *POU1F1* gene was: EE — 0.187; EF — 0.691 and FF — 0.120. The frequency of the E allele is 0.533, and the F allele is 0.466. Pigs with the FF genotype compared with pigs with the EE genotype have a significantly large weight and half-carcass length, average daily weight gain, lower feed consumption per 1 kg gain and age at achievement 100 kg live weight ($p < 0.01$).

The genotype frequency of the *GH* gene was: AA — 0.047; AG — 0.416 and GG — 0.537. The frequency of allele A was 0.255, and that of allele G, 0.745. Pigs with the GG genotype compared with pigs with the AA geno-

type have a significantly greater mass ($p < 0.01$) and a half carcass length ($p < 0.02$), the average daily weight gain ($p < 0.001$), less feed consumption per 1 kg gain ($p < 0.02$) and the age at achievement 100 kg live weight. ($p < 0.05$).

Keywords: hybrid pigs, pig-breeding, quantitative trait loci (QTL), pituitary transcription factor (*POU1F1*) gene, growth hormone gene (*GH*), half carcass weight, half carcass length, average daily weight gain, feed consumption per 1 kg gain, age at achievement 100 kg live weight.

Authors:

Pogorelskij I. — leading veterinarian of the DNA Polymorphism Laboratory; e-mail: pogia@mail.ru;

Serdyuk G. — Dr. Habil. (Biol. Sci.), Chief Scientific Officer of the DNA Polymorphism Laboratory, Professor; e-mail: labimmgen@mail.ru;

Ivanov Y. — PhD (Vet. Sci.), assistant of the Department of Epizootology named after Urban V.P.; e-mail: ivanov0910@bk.ru.

¹ Russian Research Institute of Farm Animals Genetics and Breeding — Branch of the L. K. Ernst Federal Science Center for Animal Husbandry" 196601, Russia, St. Petersburg, Tyarlevo, Moskovskoe shosse 55a;

² Federal State Budgetary Educational Institution of Higher Education «St. Petersburg State Academy of Veterinary Medicine», 196084, Russia, St. Petersburg, Chernigovskaya St., 5.

References

1. Mikhailov N. V. Perspective marker genes for pig productivity / N.V. Mikhailov, N. A. Svyatogorov, E. M. Bublik // Bulletin of the Don State Agrarian University. — 2013. — P. 16–19.
2. Pierzchała M. Growth rate and carcass quality in pigs as related to genotype at loci *POU1F1/RsaI* (*Pit1/RsaI*) and *GHRH/AluI* / M. Pierzchała, T. Blicharski, J. Kurył // Animal Science Papers and Reports. — 2003. — Vol. 21. — P. 159–166.
3. Getmantseva L. V. Influence of the *POU1F1* gene on fattening and meat quality of pigs / L. V. Getmantseva, O. L. Tretyakova, A. E. Svyatogorova, A. V. Usatov, N. A. Svyatogorov, M. A. Leonova // Modern problems of science and education. — 2015. — №2-1. — URL: <http://science-education.ru/ru/article/view?Id=20939> (accessed: 10.26.2018).
4. Yu T. P. Association of *PIT1* polymorphisms with growth and carcass traits in pigs / T. P. Yu, C. K. Tuggle, C. B. Schmitz, M. F. Rothschild // J Anim Sci. — 1995. — Vol.73. — P. 1282–1288.
5. Silveira A.C.P. *PIT1* gene polymorphism in Pietrain and Large White pigs after divergent selection / A.C.P. Silveira, T. F. Braga, J. F. Almeida, R. C. Antunes, P. F. A. Freitas, A. S. M. Cesar, E. C. Guimarães // Genetics and Molecular Research. — 2009. — Vol. 8 (3). — P. 1008–1012.
6. Brunsch C. Analysis of associations of *PIT1* genotypes with growth, meat quality and carcass composition traits in pigs / C. Brunsch, I. Sternstein, P. Reinecke, J. Bieniek C. Brunsch, I. Sternstein, P. Reinecke, J. Bieniek // J. Appl. Genet. — 2002. — Vol. 43 (1). — P. 85–91.
7. Etherton T. D. The biology of somatotropin in adipose tissue growth and nutrient partitioning // J. Nutr. — 2000. — Vol. 130. — P. 2623–2625.
8. Cheng W. T. K. Growth hormone gene polymorphisms and growth performance traits in Duroc, Landrace and Tao-Yuan pigs / W. T. K. Cheng, C. H. Lee, C. M. Hung, T. J. Chang, C. M. Chen // Theriogenology. — 2000.- Vol. 54. — P. 1225–1237.
9. Bižienė R. Effects of single nucleotide polymorphism markers on the carcass and fattening traits in different pig populations / R. Bižienė, K. Morkūnienė, R. Mišeikienė, N. Pečiulaitienė, N. Makštutienė and E. Šlyžius // Journal of Animal and Feed Sciences. — 2018. — Vol. 27. — P. 255–262 <https://doi.org/10.22358/jafs/95020/2018>.
10. Knorr C. Associations of *GH* gene variants with performance traits in F2 gen-erations of European wild boar, Piétrain and Meishan pigs / C. Knorr, G. Moser, E. Müller, H. Geldermann // Anim. Genet. — 1997. — Vol. 28. — P. 124–128. — <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.1997.00093.x>.
11. De Faria D. A., Association between G316A growth hormone polymorphism and economic traits in pigs / D. A. de Faria, S. E. F. Guimaraes, P. S. Lopes, A. V. Pires, S. R. Paiva, B. P. Sollero, A. A. Wenceslau // Genetics and molecular Biology. — 2006. — Vol. 29 (4). — P. 634–640.
12. Kolosov A. Yu. Growth hormone (*GH*) gene polymorphism and its relationship with productivity of Landrace pigs / A. Yu. Kolosov, M. A. Leonova, L.V. Getmantseva // International Research Journal. — 2016. — № 9 (51). — Part 3. — P. 116–118.
13. Franco M. M. Association of a *PIT1* gene polymorphism with growth hormone mRNA levels in pig pituitary glands / M. M. Franco, C. A. Robson, M. O. Katiana, C. D. Pereira, F. H. Biase, F. M. Franco Nunes and L. R. Goulart // Genetics and Molecular Biology. — 2005. — Vol. 28 (1). — P. 16–21.