

А. А. Бальников¹, И. Ф. Гридюшко¹, Ю. С. Казутова¹, М. Е. Михайлова², Е. Л. Романишко²

Оценка продуктивных качеств свиней пород йоркшир и ландрас по генам *PRKAG3*, *MC4R* и *MYOD1*

Аннотация.

Цель: оценка продуктивных качеств свиней пород йоркшир и ландрас по генам-маркерам *PRKAG3*, *MC4R* и *MYOD1*.

Материалы и методы. В статье представлен анализ результатов генетического тестирования, определена частотность аллелей и генотипов пород йоркшир и ландрас в ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита» Минской области Республики Беларусь. В исследованиях использовались зоотехнические и молекулярно-генетические методы (ПЦР/ПДРФ). Для проведения генотипирования свиней был разработан SNaPshot-анализ для выявления полиморфных маркеров мясо-откормочной продуктивности свиней по генам *PRKAG3*, *MYOD1*, *MC4R*. На первом этапе проводилась оценка племенного молодняка (173 головы) по собственной продуктивности по показателям: возраст достижения живой массы 100 кг, среднесуточный прирост (г) от рождения до достижения живой массы 100 кг, длина туловища (см), прижизненные мясные качества толщины шпика (мм), высота длиннейшей мышцы спины (мм), содержание мяса в теле (%). На втором этапе исследований проведен контрольный откорм 200 голов свиней и оценка откормочных и мясных качеств по следующим показателям: возраст достижения живой массы 100 кг (дней), среднесуточный прирост (г), расход корма на 1 кг прироста (к. ед.). Также определяли: длину туши (см), убойный выход (%), толщину шпика над 6–7 грудными позвонками (мм), площадь «мышечного глазка» (см²), массу задней трети полутуши (кг), выход мяса в туше (%). Затем были сопоставлены генетические исследования с показателями продуктивности.

Результаты. Установлено: у тестируемых животных частота встречаемости предпочтительного аллеля I-*PRKAG3* составляла 0,171–0,288, A-*MC4R* — 0,243–0,315, C-*MYOD1* — 0,064–0,477, соответственно. Комплексная оценка племенной ценности свиней пород йоркшир и ландрас по генам-маркерам *PRKAG3*, *MC4R*, *MYOD1* позволила выявить предпочтительные аллели и найти связь с показателями продуктивности, которые обеспечили повышение среднепопуляционных значений: по собственной продуктивности — на 2–4%, по откормочным качествам — на 2,7–12,5%, по мясным качествам — на 2,8–34,4%.

Заключение. Использование комплексной оценки в племенном свиноводстве позволит ускорить селекционную работу по увеличению показателей откормочной и мясной продуктивности создаваемых селекционных стад свиней пород йоркшир и ландрас.

Ключевые слова: порода йоркшир и ландрас, селекция откормочные и мясные качества, ДНК-тестирование, полиморфизм, аллель, гены-маркеры *PRKAG3*, *MC4R* и *MYOD1*.

Авторы:

Бальников Артур Анатольевич — кандидат сельскохозяйственных наук; e-mail: lab.breed.selec.pig@yandex.by;

Гридюшко Игорь Федорович — кандидат сельскохозяйственных наук; e-mail: lab.breed.selec.pig@yandex.by;

Казутова Юлия Сергеевна — e-mail: lab.breed.selec.pig@yandex.by;

Михайлова Мария Егоровна — кандидат биологических наук; e-mail: lab.breed.selec.pig@yandex.by;

Романишко Елена Леонидовна — e-mail: lab.breed.selec.pig@yandex.by.

¹ РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству»; 222160, Республика Беларусь, г. Жодино, ул. Фрунзе, 11.

² Институт генетики и цитологии Национальной академии наук Беларуси»; 220072, Республика Беларусь, г. Минск, ул. Академическая, 27.

Введение. Механизмы преобразования фенотипов являются основой как естественного отбора в природных популяциях, так и селекционных процессов, происходящих в стадах сельскохозяй-

ственных животных. Конечный успех преобразования зависит от уровня фенотипической изменчивости, а точнее, ее генотипической составляющей — полиморфных локусов. Это обуславливает

актуальность исследований генетического полиморфизма. Во многих странах для оценки генетической структуры, а также изучения динамики популяционно-генетических процессов в популяциях домашних животных, в том числе и свиней, широко используются молекулярно-генетические методы [1-9].

Интеграция традиционных методов селекции и современных молекулярно-генетических методов и их внедрение в свиноводство позволяет проводить оценку животных не только по фенотипическим признакам, но и по генотипу. В Республике Беларусь подобные работы находятся на начальном этапе. Результаты ряда исследований свидетельствуют, что использование ДНК-маркеров в селекции позволяет повысить продуктивность животных до 20%. Разрабатываемая технология позволит на 15–30% повысить генетический потенциал свиней и ускорить формообразующий (породообразующий) процесс в 2–3 раза. Поэтому выявление генов, ассоциированных с признаками продуктивности у свиней, в том числе выявление и использование генетических маркеров, ассоциированных с повышенной откормочной и мясной продуктивностью актуально, однако требует дифференцированного подхода в зависимости от породной принадлежности, генетической структуры популяции. В связи с этим, необходим молекулярно-генетический скрининг животных различных пород свиней по локусам, определяющим селекционно-значимые признаки, для мониторинга и оценки генофонда популяций.

В связи с этим, мы решили протестировать популяции пород йоркшир и ландрас на гены-маркеры, связанные не только с откормочной и мясной продуктивностью, но и с качеством свинины, для выявления животных с носителями предпочтительного аллеля.

Ген *MC4R* (ген меланокортинового рецептора 4) расположен на длинном плече 18-й хромосомы и кодирует нейрональный меланокортиновый рецептор *MC4R*, который участвует в регуляции пищевого поведения и энергетического баланса. Мутации связаны с развитием осаленности туш у свиней. Главной особенностью данного гена является обширный спектр действия. Животные с аллелем А отличаются высокой интенсивностью роста и большой толщиной шпика, носители аллеля G отличаются лучшими мясными качествами, но меньшей интенсивностью роста. Применение этих ДНК-маркеров позволяет получать и отбирать животных с улучшенными откормочными и мясными показателями и качеством свинины, что имеет не только научное, но и практическое значение для свиноводства [10].

Ген миогенного регуляторного фактора *MYOD1* регулирует содержание мяса и сала в туше в зависимости от аллелей. К примеру, генотип СС связан с более высоким содержанием постного мяса, генотип АА характеризовался понижением показателей мястности [7].

Ген гамма-субъединицы протеинкиназы *PRKAG3* ассоциирован с качеством свинины, мясной и откормочной продуктивностью [11].

В исследовании предложен метод выявления генетических полиморфизмов, ассоциированных с хозяйственно полезными признаками свиней с помощью ДНК-технологии мультилокусного генотипирования в мультиплексных реакциях. Одна мультиплексная реакция в одной пробирке позволяет выявлять аллельные варианты 9–15 локусов. Преимущества метода — более высокая точность исследований, новые характеристики учета и оценки, высокая скорость селекции, ускоренный генетический прогресс поголовья свиней благодаря лучшему пониманию структуры ДНК.

Цель — оценка продуктивных качеств свиней пород йоркшир и ландрас по генам-маркерам *PRKAG3*, *MC4R* и *MYOD1*.

Материалы и методы исследований. Исследования проводились в 2019–2020 гг. в ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита» Минской области Республики Беларусь и в лаборатории генетики животных ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси». Объектом исследований являлись популяции чистопородного племенного молодняка свиней пород: йоркшир и ландрас. Для проведения генотипирования свиней разработан SNaPshot-анализ для выявления полиморфных маркеров мясо-откормочной продуктивности свиней по генам *PRKAG3*, *MYOD1*, *MC4R*. У исследуемых животных взяты биопробы ткани уха. Выделение ДНК проводили с помощью набора реагентов «Нуклеосорб» («Праймтех», Беларусь). Количество ДНК нормализовано с помощью QFX Fluorometer («DeNovix», США) с использованием набора реагентов DeNovix dsDNA Broad Range kit. Полиморфизм генов *MC4R*, *PRKAG3*, *MYF4* исследован на выборке животных с помощью метода ПЦР-ПДРФ. С целью одновременного выявления полиморфных вариантов генов в нескольких локусах для ускорения ДНК-идентификации исследуемых животных были оптимизированы условия проведения мультиплексной ПЦР с последующим SNaPshot-анализом на автоматическом генетическом анализаторе 3500 Genetic Analyzer (Applied Biosystems, США).

В процессе выполнения научно-исследовательской работы на первом этапе проводилась оценка

племенного молодняка (173 головы) по собственной продуктивности по показателям: возраст достижения живой массы 100 кг, среднесуточный прирост (г) от рождения до достижения живой массы 100 кг, длина туловища (см), прижизненные мясные качества толщины шпика (мм), высота длиннейшей мышцы спины (мм), содержание мяса в теле (%) с использованием прибором Piglog-105 (SFK Technology A/S, Дания). На втором этапе исследований проведен контрольный откорм 200 голов свиней пород йоркшир и ландрас согласно ОСТ-10 3-86 «Свиньи: метод контрольного откорма» [12], и оценка откормочных и мясных качеств по следующим показателям: возраст достижения живой массы 100 кг (дней), среднесуточный прирост (г), расход корма на 1 кг прироста (к. ед.). Также определяли: длину туши (см), убойный выход (%), толщину шпика над 6–7 грудными позвонками (мм), площадь «мышечного глазка» (см²), массу задней трети полутуши (кг), выход мяса в туше (%) [13]. Затем сопоставлены генетические исследования с показателями продуктивности. Анализ ДНК проводили в лаборатории генетики животных ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси». Биометрическая обработка материалов исследований проводилась методами вариационной статистики по Е. К. Меркурьевой с использованием пакета программы Microsoft Excel [14].

Результаты и их обсуждение. Создание технологии ДНК-маркирования генов свиней на основе мультилокусного анализа для оценки генетического потенциала животных позволит целенаправленно вести селекционно-племенную работу с целью ускорения породообразовательного процесса и повышения генетического потенциала продуктивности материнских пород свиней в Республике Беларусь не только на репродуктивные, но и на откормочные и мясные качества. В рамках иссле-

дований и оценки генетического потенциала свиней разработан алгоритм действий по обеспечению селекции высокопродуктивных племенных животных с применением генетического анализа свиней по генам-маркерам *PRKAG3*, *MC4R* и *MYOD1* откормочной, мясной продуктивности и качеству свинины и установление предпочтительных аллелей. Исследования носили поисковый характер, который в дальнейшем позволит в больших масштабах проводить генетический анализ на основе ДНК-технологий для выявления ценных аллелей генов, детерминирующих селекционно-значимые признаки мясо-откормочной продуктивности свиней и их закрепления в популяциях. Научными работами ряда авторов установлено, что предпочтительные аллели в генах маркерах *PRKAG3*, *MC4R* и *MYOD1*, позволяют контролировать и прогнозировать параметры животных, ответственные за формирование откормочных и мясных показателей и качество свинины. В результате проведенных ранее исследований установлена тенденция положительного влияния аллеля *PRKAG3I* и генотипа *PRKAG3II* на такие показатели мясной продуктивности свиней как длина туши, масса задней трети полутуши и площадь «мышечного глазка», а также на показатели качества мяса: уровень pH, потеря мясного сока при нагревании, влагоудерживающая способность, содержание внутримышечного жира и протеина [10, 11].

При изучении взаимосвязи собственной продуктивности с частотой встречаемости генотипов и аллелей локусов генов-маркеров *PRKAG3*, *MC4R*, *MYOD1* у племенного молодняка свиней породы йоркшир нами установлено, что предпочтительными генотипами являются: *PRKAG3^{II}*, *MC4R^{AA}*, *MYOD1^{AC}* или ПАААС (табл. 1). Данные гены-маркеры объединены в мультилокусную систему ДНК-диагностики свиней с улучшенными мясо-откормочными качествами. Частота встре-

Таблица 1. Частота встречаемости генотипов и аллелей исследуемых локусов генов-маркеров *PRKAG3*, *MC4R*, *MYOD1* при оценке собственной продуктивности племенного молодняка пород ландрас и йоркшир

Ген-маркер	Порода	Частота встречаемости генотипов, %						Частота аллелей, %	
		n	II	n	VI	n	VV	I	V
<i>PRKAG3</i>	Ландрас	3	2,8	40	37,4	64	59,8	21,5	78,5
	Йоркшир	4	6,1	30	45,4	32	48,5	28,8	71,2
<i>MC4R</i>		AA		AG		GG	A	G	
	Ландрас	6	5,6	40	37,4	61	57,0	24,3	75,7
	Йоркшир	6	9,1	27	40,9	33	50,0	29,5	70,5
<i>MYOD1</i>		AA		AC		CC	A	C	
	Ландрас	-	-	6	5,6	101	94,4	2,8	97,2
	Йоркшир	19	28,8	25	37,9	22	33,3	47,7	52,3

чаемости предпочтительных аллелей у данных животных находилась в пределах 28,8–47,7%. У племенного молодняка породы ландрас предпочтительными генотипами, которым характерны высокие показатели собственной продуктивности являются: *PRKAG3^{VV}*, *MC4R^{AA}*, *MYOD1^{AC}* или *VVAAAC*. Частота встречаемости предпочтительных аллелей составила 2,8–24,3%.

Установлено, что животные породы йоркшир с генотипом *II* по гену *PRKAG3* превосходили своих сверстников с генотипом *VV* по возрасту достижения живой массы 100 кг на 5,7 дней или на 3,3%. Племенной молодняк пород йоркшир и ландрас с генотипом *II* отличался наибольшим среднесуточным приростом 598,3 и 591,7 г, соответственно (табл. 2). Установлено, что животные породы йоркшир с генотипом *AA* по гену-маркеру *MC4R* превосходили своих сверстников с генотипом *AG* по возрасту достижения живой массы 100 кг на 3,3 дня, по среднесуточному приросту — на 6,2 г и длине туловища — на 5,1 см.

Аналогичная тенденция наблюдалась у молодняка породы ландрас при выращивании. Животные с генотипом *AA* по гену *MC4R* превосходили своих сверстников с генотипом *AG* по возрасту

достижения массы 100 кг на 4,6 дня или на 2,6%, по среднесуточному приросту — на 19,7 г или на 3,3%.

Анализ данных по гену *MYOD1* показал, что молодняк породы ландрас генотипа *AC* превосходил животных гомозиготного генотипа *CC* по возрасту достижения массы 100 кг на 3,7 дня или на 2,2%, по среднесуточному приросту — на 14,9 г или на 2,6% и отличался меньшей толщиной шпика в точке 2. Подобная тенденция характерна и для животных породы йоркшир.

Установленный полиморфизм генов-маркеров, влияющих на откормочные качества свиней породы йоркшир, позволил определить предпочтительные генотипы: *PRKAG3^{II}*, *MC4R^{GG}*, *MYOD1^{AA}* или *IIGGAA*. При этом частота встречаемости предпочтительных аллелей у животных составила 28,1–66,9% (табл. 3).

Среди молодняка свиней породы ландрас высокими откормочными показателями отличались животные с генотипами *PRKAG3^{VI}*, *MC4R^{AA}*, *MYOD1^{AC}* исследуемых генов-маркеров. Частота предпочтительных аллелей находилась в пределах 17,1–90,4%.

Таблица 2. Результаты оценки собственной продуктивности племенного молодняка пород йоркшир и ландрас по генам-маркерам *PRKAG3*, *MC4R*, *MYOD1*

Ген-маркер	Генотип	Оценено голов	Возраст достижения живой массы 100 кг, дн.	Среднесуточный прирост от рождения до 100 кг, г	Длина туловища, см	Толщина шпика в точке 2, мм	Высота длиннейшей мышцы спины, мм	Содержание постного мяса в теле, %
Порода йоркшир								
<i>PRKAG3</i>	<i>II</i>	4	165,3±2,5	598,3±9,6	124,3±0,5	10,0±0,4	44,3±1,6	61,0±0,4
	<i>IV</i>	30	168,7±1,4	592,7±4,1	128,4±2,1	9,8±0,2	44,0±0,5	61,7±0,2
	<i>VV</i>	32	171,0±1,6	592,8±5,1	130,6±2,6	9,9±0,2	44,7±0,6	61,8±0,2
<i>MC4R</i>	<i>AA</i>	6	166,0±2,7	597,8±10,1	131,8±7,3	9,7±0,6	43,5±1,8	61,3±0,5
	<i>AG</i>	27	169,3±1,4	591,6±4,4	126,7±1,7	10,0±0,2	44,5±0,5	61,7±0,2
	<i>GG</i>	33	169,6±1,6	593,4±4,8	130,8±2,5	9,8±0,1	44,4±0,6	61,8±0,2
<i>MYOD1</i>	<i>AA</i>	19	170,1±1,9	588,4±5,8	131,5±3,8	9,7±0,2	43,5±0,5	61,7±0,2
	<i>AC</i>	25	168,4±1,7	596,6±4,8	127,6±1,8	9,9±0,2	44,0±0,5	61,6±0,2
	<i>CC</i>	22	169,3±1,7	593,1±5,7	129,1±2,7	10,0±0,2	45,6±0,8	61,8±0,2
Порода ландрас								
<i>PRKAG3</i>	<i>II</i>	3	174,3±3,8	591,7±19,9	126,3±0,9	9,0±5,8	42,7±1,4	62,3±0,3
	<i>IV</i>	40	173,2±1,1	585,2±3,5	125,8±0,2	9,6±0,1	43,5±0,4	62,4±0,09
	<i>VV</i>	64	172,5±1,2	585,9±3,9	127,5±0,9	9,4±0,08	44,7±0,4	62,3±0,07
<i>MC4R</i>	<i>AA</i>	6	169,2±3,9	600,2±14,4	125,8±1,0	9,5±3,4	44,8±0,9	62,5±0,2
	<i>AG</i>	40	173,8±0,9	580,5±3,3	125,8±0,2	9,6±0,1	44,2±0,5	62,3±0,07
	<i>GG</i>	61	172,6±1,3	586,9±3,9	127,6±0,9	9,3±0,1	44,1±0,4	62,3±0,08
<i>MYOD1</i>	<i>AC</i>	6	169,3±3,2	599,3±11,6	125,5±0,9	9,3±0,3	43,5±0,7	62,2±0,2
	<i>CC</i>	101	173,0±0,9	584,4±2,8	126,9±0,6	9,4±0,08	44,2±0,3	62,3±0,06

Проведенная оценка подсвинков пород ландрас и йоркшир по мясо-откормочным показателям позволила выявить предпочтительные генотипы по генам-маркерам *PRKAG3*, *MC4R*, *MYOD1*, которые влияют на продуктивные качества. Установлено, что животные породы йоркшир с генотипом *II* по гену *PRKAG3* превосходили сверстников с генотипом *VV* по возрасту достижения массы 100 кг на 5,6 дней или на 3,4% (табл. 4), потребляли наименьшее количество корма на 1 кг

прироста (2,8 к. ед.) и отличались наибольшим содержанием постного мяса в теле (62,6%). Однако данный маркер для породы ландрас с генотипом был не информативен.

Откормочный молодняк пород йоркшир с генотипом *AA* по гену-маркеру *MC4R* превосходил животных с генотипом *GG* по среднесуточному приросту на 78,5 г или на 8,8% и имел наибольшее содержание постного мяса в теле — 63,0%. Однако животные с генотипом *GG* достигали жи-

Таблица 3. Частота встречаемости генотипов и аллелей исследуемых локусов генов-маркеров *PRKAG3(RN)*, *MC4R*, *MYOD1* при оценке откормочных и прижизненных мясных показателей молодняка пород ландрас и йоркшир

Ген-маркер	Порода	Частота встречаемости генотипов, %						Частота аллелей, %	
		n	II	III	VI	n	VV	I	V
<i>PRKAG3</i>	Ландрас	1	0,8	39	32,5	80	66,7	17,1	82,9
	Йоркшир	5	6,3	35	43,7	40	50,0	28,1	71,9
<i>MC4R</i>		AA		AG		GG	A	G	
	Ландрас	7	5,8	50	41,7	63	52,5	26,7	73,3
	Йоркшир	5	6,2	43	53,8	32	40,0	33,1	66,9
<i>MYOD1</i>		AA		AC		CC	A	C	
	Ландрас	-	-	23	19,2	97	80,8	9,6	90,4
	Йоркшир	5	6,2	41	51,3	34	42,5	31,9	68,1

Таблица 4. Результаты оценки откормочных и прижизненных мясных показателей молодняка пород йоркшир и ландрас по генам *PRKAG3*, *MC4R*, *MYOD1*

Ген-маркер	Генотип	Оценено голов	Возраст достижения живой массы 100 кг, дн.	Среднесуточный прирост на откорме, г	Затраты корма на 1 кг прироста, к. ед.	Толщина шпика в точке 2, мм	Высота длиннейшей мышцы спины, мм	Содержание постного мяса в теле, %
Порода йоркшир								
<i>PRKAG3</i>	II	5	159,7±2,1	773,4±15,3	2,80±0,20	8,2±0,20	40,0±0,7	62,6±0,20
	IV	35	165,2±1,3	836,8±14,9	3,20±0,08	8,4±0,10	40,3±0,2	62,5±0,10
	VV	40	165,3±1,3	842,8±14,9	3,20±0,08	8,2±0,09	40,4±0,1	62,5±0,10
<i>MC4R</i>	AA	5	169,8±2,4	893,1±44,2	3,48±0,11	8,2±0,20	40,4±0,3	63,0±0,30
	AG	43	165,4±1,3	845,1±14,7	3,16±0,08	8,2±0,09	40,4±0,1	62,5±0,10
	GG	32	163,5±1,2	814,6±13,3	3,07±0,08	8,3±0,10	40,3±0,2	62,4±0,09
<i>MYOD1</i>	AA	5	162,6±6,2	852,2±79,1	2,95±0,37	8,4±0,40	40,6±0,4	62,5±0,40
	AC	41	163,4±1,3	819,9±13,7	3,07±0,08	8,3±0,10	40,4±0,1	62,5±0,10
	CC	34	167,0±1,0	852,7±12,9	3,30±0,07	8,2±0,10	40,3±0,2	62,5±0,10
Порода ландрас								
<i>PRKAG3</i>	II	1	164,5	867	2,8	7,8	39,2	64,8
	IV	39	162,9±1,4	875,0±19,6	2,79±0,03	8,1±0,10	41,3±0,3	62,8±0,3
	VV	80	163,2±0,8	859,9±10,7	2,79±0,02	8,1±0,08	41,9±0,2	63,0±0,2
<i>MC4R</i>	AA	7	160,6±3,1	819,9±25,9	2,74±0,04	8,6±0,30	41,9±0,9	62,4±0,7
	AG	50	163,0±0,9	859,5±15,7	2,79±0,02	8,0±0,08	41,7±0,2	62,9±0,2
	GG	63	163,6±1,0	874,1±12,8	2,80±0,02	8,2±0,09	41,7±0,2	63,1±0,2
<i>MYOD1</i>	AC	23	165,0±1,5	893,8±20,7	2,81±0,04	8,1±0,20	41,3±0,4	63,0±0,3
	CC	97	162,7±0,8	856,0±10,7	2,79±0,02	8,1±0,07	41,8±0,2	62,9±0,1

вой массы 100 кг на 6,3 дня раньше или на 3,7% и затрачивали корма меньше на 0,41 к. е. или на 11,8%, чем аналоги с генотипом *AA*. У подсвинков породы ландрас наблюдалась противоположная тенденция, при которой животные с генотипом *AA* имели интенсивность роста выше на 3 дня или на 2,7%, чем молодняк с генотипом *GG*. В то же время животные с генотипом *GG* превосходили подсвинков с генотипом *AA* по содержанию постного мяса в теле на 0,7%. Анализ данных по гену *MYOD1* показал, что подсвинки породы йоркшир с генотипом *AA* превосходили сверстников с гомозиготным генотипом *CC* по возрасту достижения массы 100 кг на 4,4 дня или 2,6% и потребляли меньше корма на 0,35 к. ед. или на 10,6%.

После убоя и определения мясных показателей установлено, что животные породы йоркшир с генотипом *VI* по гену *PRKAG3* превосходили подсвинков с генотипом *VV*: по площади «мышечного глазка» на 16,5 см² или на 34,4% (табл. 5).

В выборке животных породы ландрас также, как среди аналогов породы йоркшир, генотип *VI* превосходил генотип *VV* по площади «мышечного глазка» на 8,1 см² или на 15,0%, по выходу мяса — на 3,5 п. п., при этом толщина шпика у них была ниже на 3,5 мм или на 36,8%. Животные породы йоркшир с установленным по гену-маркеру *MC4R* генотипом *AG* превосходили подсвинков с генотипом *GG* по площади «мышечного

глазка» на 25,9 см² или на 41,2% ($P \leq 0,05$), по выходу мяса — на 2,4 п. п., а шпик был тоньше на 2,1 мм или на 11,1%.

Откормочный молодняк породы йоркшир с установленным генотипом *AC* по гену *MYOD1* превосходил аналогов с гомозиготным генотипом *CC* по площади «мышечного глазка» на 16,4 см² или на 27,0%, при этом различия по толщине шпика составили 2,8 мм или 14,4%. От животных породы ландрас с генотипом *CC*, по сравнению со сверстниками с генотипом *AC*, получены туши длиннее на 2,7 см или на 2,8%, с толщиной шпика на 1,6 мм или на 11,9%.

Заключение. Разработанная комплексная система оценки племенной ценности свиней пород йоркшир и ландрас позволяет определить по полиморфным генам-маркерам *PRKAG3*, *MC4R*, *MYOD1* генотип тестируемого животного и выявить продолжателей линий и семейств с показателями продуктивности, превышающими средние популяционные по: собственной продуктивности — на 2–4%, откормочным показателям — на 2,7–12,5%, мясным качествам — на 2,8–34,4%. Использование комплексной системы в племенном свиноводстве позволит ускорить селекционную работу по увеличению показателей откормочной и мясной продуктивности создаваемых селекционных стад свиней пород йоркшир и ландрас.

Таблица 5. Результаты оценки мясных качеств откормочного молодняка свиней пород йоркшир и ландрас по генам *PRKAG3*, *MC4R*, *MYOD1*

Ген-маркер	Генотип	Оценено голов	Длина туши, см	Убойный выход, %	Масса задней трети полутуши, кг	Площадь «мышечного глазка», см ²	Толщина шпика над 6–7 гр. позв., мм	Выход постного мяса в туше, %
Порода йоркшир								
<i>PRKAG3</i>	<i>VI</i>	5	95,2±1,0	70,3±0,5	10,9±0,2	64,5±13,2	17,4±1,8	62,4±1,7
	<i>VV</i>	4	94,3±0,9	69,7±1,2	11,9±0,3	48,0±5,4	17,3±0,5	62,9±1,5
<i>MC4R</i>	<i>AG</i>	7	95,3±0,7	74,5±4,0	11,4±0,3	62,9±8,9*	16,9±1,1	63,2±1,3
	<i>GG</i>	2	93,0±1,0	69,4±2,6	11,2±0,7	37,0±2,8	19,0±2,0	60,8±1,9
<i>MYOD1</i>	<i>AA</i>	2	93,5±1,5	72,2±0,2	10,8±0,3	44,4±10,2	19,5±1,5	62,6±3,7
	<i>AC</i>	7	95,1±0,7	69,4±0,6	11,5±0,3	60,8±9,5	16,7±1,1	62,6±1,2
Порода ландрас								
<i>PRKAG3</i>	<i>VI</i>	2	99,0±3,0	69,0±1,2	11,9±0,8	62,2±9,9	9,5±3,5	69,7±0,9*
	<i>VV</i>	7	99,1±1,5	67,7±0,5	11,8±0,3	54,1±1,8	13,0±1,5	66,2±0,8
<i>MC4R</i>	<i>AG</i>	5	96,6±1,8	68,1±0,7	11,7±0,4	55,9±4,0	12,2±2,1	66,8±1,2
	<i>GG</i>	4	102,3±1,3*	68,0±0,6	11,9±0,6	55,8±3,1	12,3±2,1	67,2±1,2
<i>MYOD1</i>	<i>AC</i>	2	97,0±5,0	67,7±1,9	12,4±0,9	55,2±3,6	13,5±2,5	67,2±2,9
	<i>CC</i>	7	99,7±1,5	68,1±0,4	11,6±0,3	56,1±3,1	11,9±1,7	66,9±0,9

Примечание: критерии достоверности — *- $P \leq 0,05$.

Литература

1. Методические рекомендации по применению технологии генотипирования свиней по микросателлитным локусам ДНК / И. П. Шейко, А. И. Ганджа, Н. В. Журина, М. А. Ковальчук, О. П. Курак. — Жодино, 2016. — 16 с.
2. Nidup K. Genetic diversity of domestic pigs as revealed by microsatellites: a mini-review / K. Nidup, C. Moran // *Genomics and Quantitative Genetics*. — 2011. — Vol. 2. — P. 5–18.
3. Гридюшко Е. С. Генетический профиль специализированных материнских линий в белорусском заводском типе свиней породы йоркшир / Е. С. Гридюшко, И. Ф. Гридюшко, А. А. Бальников, Е. С. Среда // *Зоотехническая наука Беларуси: сб. науч. тр. Жодино*. — 2016. — Т. 51. — Ч. 1. — С. 64–73.
4. Бальников А. А. Мясопродуктивные качества чистопородного и помесного молодняка свиней различных генотипов / А. А. Бальников // *Ученые записки УО ВГАВМ*. — 2012. — Т. 48. — Вып. 2. — Ч. II. — С. 10–12.
5. Бальников А. А. Влияние генотипа хряка на откормочные и мясные качества потомства / А. А. Бальников, А. В. Мальчевский, С. В. Рябцева // *Мясная индустрия*. — 2014. — № 5. — С. 50–53.
6. Verner J. Impact of MYOD family genes on pork traits in Large White and Landrace pigs / J. Verner et al. // *Journal of Animal Breeding and Genetics*. — 2007. — Vol. 124(2). — P. 81–85.
7. Костюнина О. В. Ассоциации полиморфизма WUR10000125 с мясными, откормочными и воспроизводительными качествами у свиней пород ландрас и крупная / О. В. Костюнина [и др.] // *Сельскохозяйственная биология*. — 2019. — Т. 4(4). — С. 713–722.
8. Колосова М. А. ДНК-Маркеры продуктивности в свиноводстве / М. А. Колосова, А. Ю. Колосов, Ф. С. Бакоев // *Вестник Донского государственного аграрного университета*. — 2019. — № 4-1(34). — С. 16–20.
9. Мельникова Е. Е. Влияние генотипов по IGF, CCKAR и MC4R на фенотипические показатели и племенную ценность свиней по хозяйственно полезным признакам / Е. Е. Мельникова [и др.] // *Сельскохозяйственная биология*. — 2018. — Т. 53. — № 4. — С. 723–734.
10. Костюнина О. В. Полиморфизм гена рецептора меланокортина MC4R и его влияние на мясные и откормочные качества свиней / О. В. Костюнина, Н. А. Зиновьева, Е. И. Сизарева, А. И. Калугина, Е. А. Гладырь, Л. В. Гетманцева, М. С. Форнара, В. Р. Харзинова // *Достижения науки и техники АПК*. — 2012. — № 8. — С. 49–51.
11. Журина Н. В. Анализ полиморфизма гена PRKAG3 и продуктивности откормочного молодняка свиней белорусской мясной породы различных генотипов по изучаемому гену / Журина Н. В., Ковальчук М. А. // *Зоотехническая наука Беларуси*. — 2011. — Т. 46. — С. 69–76.
12. Свины. Метод контрольного откорма : ОСТ 103–86 : утв. Гос. Агропром. ком. СССР 3.04.86 / Б. В. Александров и др. 5 с.
13. Методические указания по изучению качеств туш, мяса и подкожного жира убойных свиней / Н. П. Крылова и др. — Москва, 1978. — 43 с.
14. Меркурьева Е. К. Биометрия в селекции и генетике сельскохозяйственных животных. — Москва: Колос, 1970. — 424 с.

Balnikov A.¹, Gridyushko I.¹, Kazutova Yu.¹, Mikhailova M.², Romanishko E.²

Evaluation Yorkshire and Landrace breeds of pigs according to *PRKAG3*, *MC4R* and *MYOD1* marker genes

Abstract.

Purpose: evaluation of pigs Yorkshire rocks and Landraz on *PRKAG3*, *MC4R* and *MyOD1* markers.

Materials and methods. The paper presents the analysis of the results of genetic testing, and determines the frequency of alleles and genotypes of Yorkshire and Landrace breeds at the «State Enterprise ZhodinoAgroPlemElita» of the Minsk region of the Republic of Belarus by the genes-markers of productive traits: *PRKAG3*, *MC4R* and *MYOD1*. Zootechnical and molecular genetic methods were used in the research (PCR/PDRF). Snapshot analysis was developed for the genotyping of pigs to detect polymorphic markers of meat-feeding productivity of pigs on the Genas *PRKAG3*, *MyOD1*, *MC4R*. At the first stage, there was an assessment of tribal young (173 heads) on its own productivity in terms of indicators: the age of achieving the living mass of 100 kg, the average daily increase [d] from birth to the live weight of 100 kg, the length of the body [cm], the lifetime meat quality of the thickness of the scrape [mm], height of the longest back muscles [mm], the content of meat in the body [%]. At the second stage of the research, the controlling fastenings of 200 goals of pigs and evaluation of feedst and meat qualities in the following indicators were carried out: the age of achieving a living mass of 100 kg [days], the average daily increase [d], feed consumption per 1 kg of growth [to. Units]. Also determined:

the length of the carcass (cm), the slaughter output (%), the thickness of the spick over 6–7 breast vertebrae (mm), the area of «muscular eye» (cm²), the mass of the rear third of the half carcass (kg), the flow of meat in the carcass (%). Then, genetic studies were compared with productivity indicators.

Results. As a result of the research, it was found that in the tested animals, the frequency of the preferred allele *I-PRKAG3* made 0.171–0.288, *A-MC4R* — 0.243–0.315, and *C-MYOD1* — 0.064–0.477, respectively. The developed comprehensive system for assessing the breeding value of Yorkshire and Landrace pigs based on the marker genes *PRKAG3*, *MC4R*, and *MYOD1* allowed us to identify the preferred alleles and determine correlation with productivity traits that provided increase in the average population values: for self-productivity — by 2–4%, for fattening traits — by 2.7–12.5%, for meat traits — by 2.8–34.4%.

Conclusion. The use of integrated system in pig breeding will speed up the selection work to increase the indicators of fattening and meat productivity of the created breeding herds of Yorkshire and Landrace pigs.

Keywords: Yorkshire and Landrace breeds, breeding, fattening and meat traits, DNA testing, polymorphism, allele, marker genes *PRKAG3*, *MC4R* and *MYOD1*.

Authors:

Balnikov A. — PhD (Agr. Sci.); e-mail: lab.breed.selec.pig@yandex.by;

Gridyushko I. — PhD (Agr. Sci.); e-mail: lab.breed.selec.pig@yandex.by;

Kazutova Yu. — e-mail: lab.breed.selec.pig@yandex.by;

Mikhailova M. — PhD (Biol. Sci.); e-mail: lab.breed.selec.pig@yandex.by;

Romanishko E. — e-mail: lab.breed.selec.pig@yandex.by.

¹ Republican unitary enterprise “Scientific and practical center of the National academy of sciences of Belarus on animal husbandry; 222160, Republic of Belarus, Zhodino, st. Frunze, 11.

² The Institute of Genetics and Cytology; 220072, Republic of Belarus, Minsk, Akademicheskaya st., 27.

References

1. Methodical recommendations for the use of pig genotyping technology on DNA microsatellite lockers / I. P. Sheiko, A. I. Gandja, N. V. Zhurin, M. A. Kovalchuk, O. P. Kurak. — Zhodino, 2016. — 16 p.
2. Nidup K. Genetic diversity of domestic pigs as revealed by Microsatellites: A mini-Review / K. Nidup, S. Moran // *Genomics and Quantitative Genetics*. — 2011. — Vol. 2. — P. 5–18.
3. Gridyushko E. S. Genetic profile of specialized maternal lines in the Belarusian factory type of rocks of the breed Yorkshire / E. S. Gridyushko, I. F. Gridyushko, A. A. Balnikov, E. S. Wednesday // *Zootechnical Science of Belarus: Sat. Scientific Tr. Zhodino*. — 2016. — V. 51. — Part 1. — P. 64–73.
4. Balnikov A. A. Measocial qualities of the purebred and segregate young children of different genotypes / A. A. Balnikov // *Scientific notes of UO VGAVM*. — 2012. — V. 48. — № 2. — P. II. — P. 10–12.
5. Balnikov A. A. Influence of the Genotype of boar on the fattening and meat quality of the offspring / A. A. Balnikov, A. V. Malchevsky, S. V. Ryabtseva // *Meat Industry*. — 2014. — № 5. — P. 50–53.
6. Verner J. Impact of MYOD Family Genes on Pork Traits in Large White and Landrace Pigs / J. Verner et al. // *Journal of Animal Breeding and Genetics*. — 2007. — Vol. 124(2). — P. 81–85.
7. Kostyunina O. V. Association of polymorphisms WUR10000125 with meat, feeding and reproductive qualities in pig breeds Landras and large / O. V. Kostyunin [et al.] // *Agricultural biology*. — 2019. — V. 4(4). — P. 713–722.
8. Kolosova M. A. DNA markers of productivity in pig breeding / M. A. Kolosova, A. Yu. Kolosov, F. S. Bakoev // *Bulletin of the Don State Agrarian University*. — 2019. — № 4-1(34). — P. 16–20.
9. Melnikova E. E. The influence of IGF, CCKAR and MC4R genotypes on phenotypic indicators and tribal value of pigs for economic useful features / E. Melnikova [et al.] // *Agricultural biology*. — 2018. — V. 53. — № 4. — P. 723–734.
10. Kostyunina O. V. Polymorphism of the melanocortin receptor gene MC4R and its effect on meat and fatigue qualities of pigs / O. V. Kostyunina, N. A. Zinoviev, E. I. Sizareva, A. I. Kalugina, E. A. Gladder, L. V. Gütthanseva, M. S. Jubinar, V. R. Harzinova // *Achievements of Science and Technology APK*. — 2012. — № 8. — P. 49–51.
11. Zhurin N. V. Analysis of polymorphism of the PRKAG3 gene and the productivity of fattening young pigs of the Belarusian meat breed of various genotypes for the studied gene / Zhurin N. V., Kovalchuk M. A. // *Zootechnical Science of Belarus*. — 2011. — V. 46. — P. 69–76.
12. Pigs. The control fattening method: OST 103-86: app. State Agroprom. com. USSR 3.04.86 / B. V. Alexandrov et al. 5 s.
13. Methodical instructions for studying the qualities of carcass, meat and subcutaneous fat of slaughter pigs / N. P. Krylova, etc. — Moscow, 1978. — 43 p.
14. Mercurieva E. K. Biometrium in selection and genetics of farm animals. — Moscow: Kolos, 1970. — 424 p.