

НОВІТНІ СЕЛЕКЦІЙНО-ГЕНЕТИЧНІ МЕТОДИ У ПЛЕМІННІЙ РОБОТІ З МИРГОРОДСЬКОЮ ПОРОДОЮ СВИНЕЙ

Цибенко В. Г., кандидат сільськогосподарських наук
dpdgim.dekabristiv@gmail.com

Вашченко П. А., кандидат сільськогосподарських наук
P.A.Vashchenko@gmail.com

Саєнко А. М., кандидат сільськогосподарських наук
saenko_artem@meta.ua

Балацький В. М., кандидат біологічних наук
Інститут свинарства і агропромислового виробництва НААН
36013, м. Полтава, вул. Шведська могила, 1

Шаферівський Б. С., кандидат сільськогосподарських наук
Полтавська державна аграрна академія
36000, м. Полтава, вул. Сковороди, 1/3

Генеалогічна структура миргородської породи станом на 2018 рік складається з 6 ліній кнурів та 11 родин свиноматок. Вісім найбільших родин породи складають 89.3% від загальної кількості маточного поголів'я. Проведене нами ДНК-типування тварин чотирьох найбільш чисельних ліній, що представляють породу, за локусами RYR1 та IGF2 виявило, що у піддослідних тварин поліморфізм відсутній, тобто використати ці ДНК-маркери в селекційній роботі з даною вибіркою не являється можливим. За маркером MC4R в досліджуваній вибірці були присутні тварини з генотипами AA та GA, причому гетерозиготні тварини GA складають 50%, що дає можливість для проведення маркерної селекції на збільшення частоти алеля G MC4R, який зв'язаний з меншою товщиною підшкірного сала. Встановлено, що тварини з генотипом GA в порівнянні з AA достовірно відрізнялися більш низьким віком досягнення маси 100 кг (на 6.5%), меншою товщиною шпигу (на 10,6%) і більшою площею «м'язового вічка» (на 8.1%). Племінну цінність піддослідних тварин визначали за двома моделями BLUP як з використанням даних типування за маркером MC4R у якості фіксованого фактору, так і без урахування даного маркера. Прогнозується, що нащадки тварин лінії Дніпра будуть мати найвищу площу „м'язового вічка” але, в той же час, матимуть децю гірші результати за двома іншими ознаками. Тварини лінії Ловчика при оцінці за моделлю, в якій враховувався фактор генотипу, за всіма трьома ознаками отримали оцінки які відповідають бажаному напрямку селекції (зменшення віку досягнення маси 100 кг та товщини шпигу і підвищення площі „м'язового вічка”), що можна буде використати в подальшій племінній роботі. Встановлено, що між результатами оцінювання отриманими за різними моделями існує тісний кореляційний зв'язок, а за ознакою „площа м'язового вічка” навіть „дуже тісний” (за шкалою Чеддока). Таким чином, результати ДНК-типування за геном MC4R можуть бути використані для підвищення точності оцінки при визначенні племінної цінності методом BLUP за ознаками вік досягнення маси 100 кг та товщина шпигу.

Ключові слова: свинарство, миргородська порода, селекція, днк-маркери, прогнозування, лінійна модель.

В Україні розводять 10 порід свиней, частка яких становить у процентах: велика біла (ВБ) – 62.46; ландрас (Л) – 21.73; українська м'ясна (УМ) – 2.83; червона білопояса (ЧБП) – 2.64; дюррок (Д) – 2.32; полтавська м'ясна (ПМ) – 2.23; українська степова

біла (УСБ) – 1.18; уельська (У) – 0.82; миргородська (М) – 0.87; українська степова ряба (УСР) – 0.2. Із названих порід – 4 зарубіжного і 6 вітчизняного походження [1].

І якщо генеалогічну структуру порід зарубіжного походження (ВБ, ВЧ, Л, Д, У) можна періодично поповнювати шляхом завезення тварин або сперми з інших країн, то більшість порід вітчизняної селекції, в тому числі і миргородська, знаходиться під загрозою зникнення. Саме в таку категорію згідно класифікації ФАО відносять породи в яких загальна чисельність племінних маток знаходиться в межах 100-1000 голів, а поголів'я плідників – 5-20 голів [2].

В той же час, свині локальних порід, відрізняються високими адаптаційними та резистентними властивостями, екстер'єрно-конституціональною міцністю, високою життєздатністю, пластичністю, невибагливістю до кормів, відмінними відтворними та материнськими характеристиками, високою якістю продукції, тому можливе їх зникнення призвело б до збіднення вітчизняного генофонду тварин [3, 4, 5].

Зокрема, свині миргородської породи характеризується високим вмістом внутрім'язового жиру та низьким вмістом вологи завдяки чому їх м'ясо соковите і відрізняється відмінними смаковими якостями [6]. Крім того, свині миргородської породи добре пристосовані до використання пасовищ, мають міцну конституцію і краще перетравлюють клітковину порівняно з породами м'ясного напряму продуктивності.

Таким чином, збереження унікального генофонду свиней вітчизняних порід є важливим завданням. Одним із шляхів збереження миргородської породи є застосування новітніх методів селекції при чистопорідному розведенні для підвищення її продуктивності і привабливості для виробництва товарної свинини високої якості та для використання її в якості материнської основи в схемах гібридизації.

Останніми роками в племінній роботі в свинарстві все більшого поширення набувають новітні методи до яких відносяться використання маркерної селекції та методу лінійного незміщеного прогнозу (BLUP) для оцінки генотипу тварин. Молекулярна інформація, отримана при аналізі геному свиней, зокрема локусів кількісних ознак, (QTL-quantitative trait loci), може бути використана для впровадження маркерасоціюваної селекції, що дозволить значно прискорити процес покращення ознак продуктивності [78, 8].

Прояв найважливіших ознак продуктивності у свинарстві за якими проводиться селекційна робота контролюють цілі генні комплекси, серед яких виділяють окремі гени, які мають найбільш суттєвий вплив на їх прояв.

До прямих маркерів належить ріанодинрецепторний ген (*RYR 1*), який асоційований із стресчутливістю свиней, негативним проявом якої є розвиток злоякісного гіпертермічного синдрому [9]. Мутація в *RYR 1* – гені, в гомозиготному стані спричиняє підвищену стресчутливість тварин. Такі свині характеризуються високими показниками м'ясності туш, але низькою якістю м'яса та поганими показниками репродуктивних функцій [10].

Ген інсуліноподібного фактора росту 2 (*IGF2*) належить до родини білків, які забезпечують ріст тканин організму. *IGF2* (соматомедін А) не так добре вивчений, але показаний його вплив на ріст та розвиток ембріона та плаценти [11].

Є відомості про зв'язок *IGF2* SNP G162C з середнім добовим приростом, відкладенням хребтового сала та відсотком пісного м'яса у свиней порід ландрас та велика біла [12].

Безпосередню участь у метаболізмі жирової тканини приймає рецептор меланокортин-4 *MC4R*, як одна з ланок складної системи харчової поведінки [13]. Основною функцією *MC4R* рецепторів виступає контроль ваги тіла і регуляція харчової поведінки.

Крім ДНК-маркерної селекції, суттєвих результатів можливо досягти при застосуванні в племінній роботі методу BLUP [14]. При відборі в племінне ядро тварин які мали вище значення племінної цінності визначеної даним методом були отримані нащадки що мали на 0,42 голови вищу багатоплідність порівняно з нащадками тварин

яких відбирали за фенотиповим значенням багатоплідності. Кореляційний аналіз показав, що зв'язок між оцінкою свиноматки за методом BLUP та багатоплідністю її дочок достовірний і в 2 рази сильніший між багатоплідністю маток та їх дочок.

За даними ряду дослідників [15] розвиток геномної селекції обумовив необхідність розробки нових моделей, проведені рядом науковців дослідження з порівняння методів ssGBLUP, GBLUP та GEBV в популяціях свиней породи ландрас та велика біла виявило, що, хоча ssGBLUP, як правило, не перевершував GBLUP та GEBV, результати свідчать, що ssGBLUP може бути корисним та концептуально переконливим підходом до практичного геномного прогнозування кількості живих поросят у гнізді в популяціях вищезазначених порід.

При поєднанні двох вищезазначених методів оцінювання тварин, а саме, при застосуванні у лінійних моделях BLUP в якості фіксованих факторів даних щодо генотипу тварин за ДНК-маркерами очікується підвищення ефекту селекції [8]. Порівняння результатів оцінювання з використанням даних за ДНК-маркером локусу *CTSL* з результатами без використання ДНК-маркера встановлено досить високий кореляційний зв'язок ($r = 0.96$) між цими методами оцінювання, але в той же час, така висока ступінь зв'язку могла пояснюватися низьким рівнем поліморфізму локусу *CTSL* в популяції, що досліджувалась.

На основі аналізу літературних джерел, можемо зробити висновок, що у галузі свинарства України дана проблематика досліджена недостатньо і має перспективи для подальшого розвитку. Враховуючи все вищесказане, дослідження за даним напрямом дозволять підвищити ефективність селекційної роботи і сприятимуть збереженню вітчизняних порід, що знаходяться під загрозою зникнення.

Матеріал та методи досліджень. Дослідження проводились протягом 2011-2017 років в умовах лабораторії селекції Інституту свинарства і АПВ НААН та у ДП „ДГ Ім. Декабристів” Миргородського району Полтавської області. Збір первинних даних зоотехнічного обліку проводили в електронному вигляді згідно Методичних рекомендацій щодо збору первинних даних зоотехнічного обліку для визначення племінної цінності свиней в автоматизованому режимі [16]. В базу даних племінних тварин заносились наступні показники: ідентифікаційний номер тварини, що оцінюється; ідентифікаційні номери батьків; порода; стать; дата народження; маса при народженні, кг; дата відлучення; маса при відлученні, кг; дата вимірювання товщини шпику; жива маса при вимірюванні ТШ, кг; товщина шпику на рівні 6-7 грудного хребця, на крижах та на рівні 1-2 поясничних хребців, мм; довжина тулубу при вимірюванні товщини шпику, см; дата 1-го опоросу свиноматок; багатоплідність за 1-й опорос свиноматок.

ДНК із зразків крові тварин виділяли за допомогою іоннообмінної смоли Chelex 100 [14]. Типування тварин за локусами генів *RYS1*, *IGF2* та *MC4R* проводили методом ПЛР-ПДРФ аналізу у відповідності із протоколом описаним в роботі [10, 12, 13].

Статистичну обробку проводили із використанням засобів MS Excel. Визначення племінної цінності свиней проводили за загальною змішаною моделлю одиничної тварини, яка має вигляд [17]:

$$y_i = x_i'b + a_i + e_i \quad (3)$$

де y_i – спостереження ознаки у i -ої тварини;

$x_i'b$ – сума фіксованих ефектів, що відносяться до i -ої тварини;

a_i – випадковий адитивний генетичний ефект i -ої тварини;

e_{ij} – випадкове відхилення (залишкове).

Розрахунок параметрів моделі проводили із використанням розробленого програмного забезпечення [18, 19].

Результати досліджень. Генеалогічна структура миргородської породи станом на 2018 рік складається з 6 ліній кнурів та 11 родин свиноматок. Вісім найбільших родин породи складають 89.3% від загальної кількості маточного поголів'я. Частка свиноматок решти трьох родин становить менше 11%. Хоча мала чисельність цих родин ускладнює селекційну роботу (відбір і підбір) з даними тваринами, в той же час, враховуючи те, що ДП „ДГ ім. Декабристів” є єдиним у світі господарством в якому розводиться миргородська порода, необхідно зберігати малочисельні родини для збереження генетичної різноманітності у породі і недопущення тісного інбридингу.

Нами було проведено ДНК-типуння тварин чотирьох найбільш чисельних ліній, що представляють породу. Генотипування за локусами *RYR1* та *IGF2* виявило, що у піддослідних тварин поліморфізм відсутній, тобто використати ці ДНК-маркери в селекційній роботі з даною вибіркою не являється можливим. Щодо маркера *MC4R*, то в досліджуваній вибірці були присутні тварини з генотипами AA та GA. Причому гетерозиготні тварини GA складають 50%. Гомозиготний генотип *MC4R* GG був відсутній. Розподіл частот генотипів *MC4R* за лініями представлено в таблиці 1.

Можна припустити, що характер розподілу частот генотипів за локусами *RYR1*, *IGF2* і *MC4R* та відсутність генотипу *MC4R* GG зв'язана із породними особливостями. Крім того, алель G гену *MC4R*, зв'язують з меншим вмістом внутріш'язового жиру, а свині миргородської породи характеризується його високим вмістом, цим і може пояснюватись перевага за частотою алеля A та незначний відсоток алеля G гена *MC4R* у проаналізованій мікропопуляції свиней.

1. Розподіл в генеалогічних лініях свиней частот генотипів за маркером MC 4R

Лінія	Генотип		
	AA	AG	GG
Дніпро	0.80	0.20	-
Комиш	0.33	0.67	-
Коханий	0.33	0.67	-
Ловчик	0.43	0.57	-

На рисунку 1 представлено алельні варіанти протипованих генів *RYR1*, *IGF2* та *MC4R* у 3% агарозному гелі.

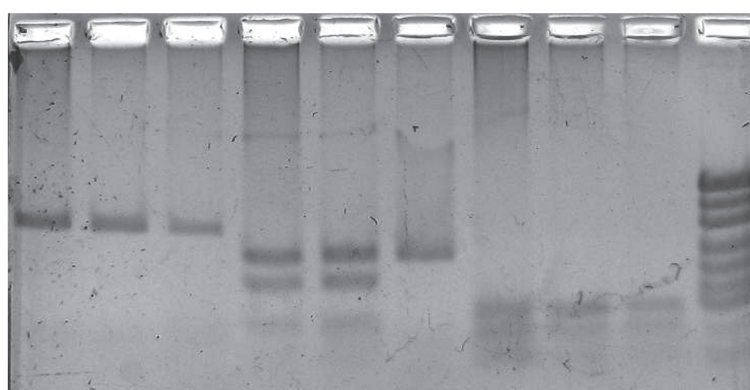


Рис 1. Алельні варіанти генів *RYR1*, *IGF2* та *MC4R* :
1, 2, 3 – *IGF2* AA,
4, 5 – *MC4R* GA,
6 – *MC4R* AA,
7, 8, 9 – *RYR1* NN, M – маркер молекулярної маси *pUC19/MspI*

У таблиці 2 представлені показники тварин з різним генотипом за геном *MC4R*. Як можна побачити з даної таблиці тварини з генотипом GA в порівнянні з AA достовірно відрізнялися більш низьким віком досягнення маси 100 кг (на 6.5%), меншою товщиною шпигу (на 10,6%) і більшою площею «м'язового вічка» (на 8.1%).

Отримані результати типуння були використані в якості фіксованого фактора у моделі визначення племінної цінності BLUP. Також племінну цінність піддослідних

тварин визначали за моделлю BLUP без використання даного фактору. Результати оцінювання в розрізі ліній наведені в таблиці 3.

Як ми можемо побачити з вищенаведеної таблиці 3, прогнозується, що нащадки тварин лінії Дніпра будуть мати найвищу площу „м'язового вічка”, але, в той же час, матимуть дещо гірші результати за двома іншими ознаками. Тварини лінії Ловчика при оцінці за моделлю, в якій враховувався фактор генотипу, за всіма трьома ознаками отримали оцінки які відповідають бажаному напрямку селекції (зменшення товщини шпику та віку досягнення маси 100 кг і підвищення площі „м'язового вічка”), що можна буде використати в подальшій племінній роботі.

2. Показники продуктивності свиней з різним генотипом за геном MC4R в ДП „ДГ ім. Декабристів” (n=18)

MC4R	Вік досягнення маси 100 кг	Товщина шпику, мм	Довжина півтуші, см	Площа м'язового вічка мм ²	Приріст за період відгодівлі
AA	210.3±4.61	32.8±1.02	93.9±1.57	31.7±1.01	575±22.47
GA	196.5±3.12*	29.3±0.86*	94.5±1.14	34.3±0.64*	621.1±40.22
Середнє	203.4±5.56	31±1.33	94.2±1.94	33±1.2	598.1±46.07

Примітка: * – $P > 0.95$ відносно даних отриманих по MC4R AA

3. Результати оцінювання свиней за різними моделями (n=18)

Лінія	Модель із включенням фактору „генотип”			Модель без включення фактору „генотип”		
	EBV за віком досягнення маси 100 кг	EBV за товщиною шпику	EBV за площею „м'язового вічка”	EBV за віком досягнення маси 100 кг	EBV за товщиною шпику	EBV за площею „м'язового вічка”
Дніпро	5.2094	0.5086	2.0956	8.9567	1.0204	2.1780
Комиш	-9.6089	-0.9795	-3.4618	-8.4722	-0.8243	-3.4361
Коханий	2.7206	0.3950	-0.1687	3.8576	0.5501	-0.1429
Ловчик	-0.7688	-0.1128	0.0591	-4.4200	-0.6114	-0.0218

Встановлено, що між результатами оцінювання отриманими за різними моделями існує тісний кореляційний зв'язок, а за ознакою „площа м'язового вічка” навіть „дуже тісний” (за шкалою Чеддока [20]). Таким чином, результати ДНК-типуювання за геном MC4R доцільно використовувати при визначенні племінної цінності методом BLUP за ознаками вік досягнення маси 100 кг та товщина шпику, включення в модель інформації щодо даного маркера при визначенні племінної цінності за ознакою „площа м'язового вічка” суттєво не підвищує точність оцінювання.

4. Кореляція між оцінками племінної цінності отриманими за різними моделями (n=18)

	Вік досягнення маси 100 кг	Товщина шпику	Площа м'язового вічка
r	0.76	0.71	0.99
m	0.109	0.119	0.007
t _r	5.63	4.97	28.31
P	0.999	0.999	0.999

Висновки. 1. За локусами *RYR1* та *IGF2* у проаналізованій вибірці свиней миргородської породи генетичний поліморфізм відсутній, і відповідно ці ДНК-маркери використати у селекційній роботі з даною мікропопуляцією свиней не являється можливим.

2. У досліджуваній вибірці тварин за локусом *MC4R* присутні тварини з генотипами AA та AG, причому гетерозиготні тварини GA складають 50%, що дає можливість для проведення маркерної селекції на збільшення частоти алеля G *MC4R*, який зв'язаний з меншою товщиною підшкірного сала.

3. Визначення племінної цінності за різними моделями BLUP дозволило зробити прогноз, що нащадки тварин лінії Дніпра будуть мати найвищу площу „м'язового вічка”, але, в той же час, матимуть дещо гірші результати за віком досягнення маси 100 кг та товщиною шпиків. Тварини лінії Ловчика при оцінці за моделлю, в якій враховувався фактор генотипу, за всіма трьома ознаками отримали оцінки які відповідають бажаному напрямку селекції (зменшення віку досягнення та товщини шпиків і підвищення площі „м'язового вічка”), що можна буде використати в подальшій племінній роботі.

4. Кореляційний аналіз показав, що результати ДНК-типуювання за геном *MC4R* доцільно використовувати при визначенні племінної цінності методом BLUP за ознаками вік досягнення маси 100 кг та товщина шпиків.

БІБЛІОГРАФІЯ

1. Березовський, М.Д. 2008. Стан та перспективи збереження генофонду свиней в Україні. Розведення і генетика тварин. Вип. 42. 19–21.
2. FAO. 2007. The State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture, edited by Barbara Rischkowsky & Dafydd Pilling. Rome. 511.
3. Войтенко, С., Петренко, С., та Пісковий, М. 2007. Локальні породи свиней: збереження та відтворення. Тваринництво України. 2. 70–72.
4. Крилова, Л., та Шульга, Ю. 2004. Селекційні перлини степу України. Пропозиція. 7. 83.
5. Михайлова, М. 1991. Степная рябая на юге Украины. Свиноводство. 5. 15–17.
6. Щербань, Т. В. 2015. Ефективність схрещування свиней миргородської породи з спеціалізованими генотипами м'ясного напрямку продуктивності: дис. ... канд. с.-г. наук: 06.02.01 / Інститут свинарства і АПВ НААН. Полтава. 164.
7. Балацький, В. М., Гришина, Л. П., Саєнко, А. М., Вовк, В. О., та Ващенко, П. А. 2016. Асоціація ESR1 локусу з репродуктивними якостями свиноматок великої білої і миргородської порід. Розведення і генетика тварин. 52:150–158.
8. Ващенко, П. А., Балацький, В. Н., та Почерняев, К. Ф. 2015. Использование модели BLUP с включением ДНК-маркеров для оценки свиней. Зоотехническая наука Беларуси. Сборник научных трудов. Т.50 (Ч.1). Жодино. 43–50.
9. Fujii, J. et al. 1991. Identification of a mutation in porcine ryanodine receptor associated with malignant hyperthermia. Science. 253. 448–451.
10. Саєнко, А. М., та Мангра, Л. П. 2008. ДНК-діагностика стрес-синдрому в групах свиней різних генотипів. Вісник Полтавської державної аграрної академії. 2. 202–205.
11. Van Laere, A., Nguyen, M., Brauschweig, M., Nezer, C., Collette, C. 2003. A regulatory mutation in IGF2 causes a major QTL effect on muscle growth in pig. Nature. 425. 832–836.
12. Саєнко, А. М., Балацький, В. М., та Дикань, О. С. 2010. Поліморфізм локусу інсуліноподібного фактора росту 2 у популяціях свиней різного напрямку продуктивності. Свиноводство. Міжвідомчий тематичний збірник Інституту свинарства і АПВ НААН. Полтава. Вип. 58. 52–56.

13. Kim, K. S., Lee, J. J., Shin, H. Y. et al. 2006 Association of melanocortin 4 receptor (MC4R) and high mobility group AT-hook 1 (HMGA1) polymorphisms with pig growth and fat deposition traits. *Animal Genetics*. 37. 419–421.
14. Ващенко, П. А., та Цибенко, В. Г. 2017. Використання лінійних моделей для підвищення багатоплідності миргородської породи свиней. *Свинарство. Міжвідомчий тематичний збірник Інституту свинарства і АПВ НААН. Полтава. Вип. 70.* 64–73.
15. Fangmann, A., Sharifi, R. A., Heinkel, J., Danowski, K., Schrade, H., Erbe, M., Simianer, H. 2017. Empirical comparison between different methods for genomic prediction of number of piglets born alive in moderate sized breeding populations. *J Anim Sci*. 95(4). 1434–1443.
16. Методичні рекомендації щодо збору первинних даних зоотехнічного обліку для визначення племінної цінності свиней в автоматизованому режимі: затв. рішенням Науково-технічної ради М-ва аграрної політики України від 14.12.2010 р. Полтава, 2010. 16.
17. Henderson, C. R. 1975. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. *Biometrics*. 31. 423–447.
18. А.с. 37224. Комп'ютерна програма „Система визначення племінної цінності свиней”. П.А. Ващенко (Україна), А.А. Геть (Україна), М.Д. Березовський (Україна). Опубл. 04.03.2011.
19. А.с. 67844 Комп'ютерна програма „Система збору і обробки селекційної інформації”. П.А. Ващенко (Україна), А.О. Онищенко (Україна). Опубл. 15.09.2016.
20. Сидорова, А. В., Леонова, Н. В., Масич, Л. А. и др 2003. Практикум по теории статистики: Учебное пособие. Дон. нац. ун-т. Донецк. ДОНУ. 252.

REFERENCES

1. Berezovs'kij, M.D. 2008. Stan ta perspektivi zberezhenja genofondu svinej v Ukraïni. Rozvedennja i genetika tvarin. Vip. 42. 19–21 (in Ukrainiane).
2. FAO. 2007. The State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture, edited by Barbara Rischkowsky & Dafydd Pilling. Rome. 511.
3. Vojtenko, S., Petrenko, S., ta Piskovij, M. 2007. Lokal'ni porodi svinej: zberezhenja ta vidtvorenja. Tvarinnictvo Ukraïni. 2. 70–72 (in Ukrainiane).
4. Krilova, L., ta Shul'ga, Ju. 2004. Selekcijni perlini stepu Ukraïni. Propozicija. 7. 83 (in Ukrainiane).
5. Mihajlova, M. 1991. Stepnaja rjabaja na juge Ukrainy. Svinovodstvo. 5. 15–17 (in Ukrainiane).
6. Shherban', T. V. 2015. Efektivnist' shreshhuvannja svinej mirgorods'koï porodi z specializovanimi genotipami m'jasnogo naprjamu produktivnosti: dis. ... kand. s.-g. nauk: 06.02.01 / Institut svinarstva i APV NAAN. Poltava. 164 (in Ukrainiane).
7. Balac'kij, V. M., Grishina, L. P., Saenko, A. M., Vovk, V. O., ta Vashhenko, P. A. 2016. Asociacija ESR1 lokusu z reproduktivnimi jakostjami svinomatok velikoï biloï i mirgorods'koï porid. Rozvedennja i genetika tvarin. 52:150–158 (in Ukrainiane).
8. Vashhenko, P. A., Balackij, V. N., ta Pochernjaev, K. F. 2015. Ispol'zovanie modeli BLUP s vkljucheniem DNK-markerov dlja ocenki svinej. Zootehnicheskaja nauka Belarusi. Sbornik nauchnyh trudov. T.50 (Ch.1). Zhodino. 43–50.
9. Fujii, J. et al. 1991. Identification of a mutation in porcine ryanodine receptor associated with malignant hyperthermia. *Science*. 253. 448–451.
10. Saenko, A. M., ta Mangra, L. P. 2008. DNK-diagnostics stres-sindromu v grupah svinej riznih genotipiv. Visnik Poltavs'koï derzhavnoï agrarnoi akademii. 2. 202–205 (in Ukrainiane).

11. Van Laere, A., Nguyen, M., Brauschweig, M., Nezer, C., Collette, C. 2003. A regulatory mutation in IGF2 causes a major QTL effect on muscle growth in pig. *Nature*. 425. 832–836.
12. Saenko, A. M., Balac'kij, V. M., ta Dikan', O. S. 2010. Polimorfizm lokusu insulinopodibnogo faktora rostu 2 u populacijah svinej riznogo naprjamku produktivnosti. *Svinarstvo. Mizhvidomchij tematicnij zbirnik Institutu svinarstva i APV NAAN. Poltava. Vip. 58. 52–56 (in Ukrainian)*.
13. Kim, K. S., Lee, J. J., Shin, H. Y. et al. 2006 Association of melanocortin 4 receptor (MC4R) and high mobility group AT-hook 1 (HMGA1) polymorphisms with pig growth and fat deposition traits. *Animal Genetics*. 37. 419–421.
14. Vashhenko, P. A., ta Cibenko, V. G. 2017. Viktoristannja liniynih modelej dlja pidvishhennja bagatoplidnosti mirgorods'koї porodi svinej. *Svinarstvo. Mizhvidomchij tematicnij zbirnik Institutu svinarstva i APV NAAN. Poltava. Vip. 70. 64–73 (in Ukrainian)*.
15. Fangmann, A., Sharifi, R. A., Heinkel, J., Danowski, K., Schrade, H., Erbe, M., Simianer, H. 2017. Empirical comparison between different methods for genomic prediction of number of piglets born alive in moderate sized breeding populations. *J Anim Sci*. 95(4). 1434–1443.
16. Metodichni rekomendacii shhodo zboru pervinnih danih zootehničnogo obliku dlja viznachennja pleminnōi cinnosti svinej v avtomatizovanomu rezhimi: zatv. rishennjam Naukovo-tehničnōi radi M-va agrarnōi politiki Ukraїni vid 14.12.2010 r. Poltava, 2010. 16 (in Ukrainian).
17. Henderson, C. R. 1975. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. *Biometrics*. 31. 423–447.
18. A.s. 37224. Komp'juterna programa „Sistema viznachennja pleminnōi cinnosti svinej”. P.A. Vashhenko (Ukraїna), A.A. Getja (Ukraїna), M.D. Berezovs'kij (Ukraїna). Opubl. 04.03.2011.
19. A.s. 67844 Komp'juterna programa „Sistema zboru i obrobki selekciynōi informacii”. P.A. Vashhenko (Ukraїna), A.O. Onishhenko (Ukraїna). Opubl. 15.09.2016.
20. Sidorova, A. V., Leonova, N. V., Masich, L. A. i dr 2003. *Praktikum po teorii statistiki: Uchebnoe posobie*. Don. nac. un-t. Doneck. DonNU. 252.

Цибенко В. Г., Ващенко П. А., Саенко А. М., Балацкий В. М., Шаферивский Б. С. Инновационные селекционно-генетические методы в племенной работе с миргородской породой свиней

Генеалогическая структура миргородской породы по состоянию на 2018 год состоит из 6 линий хряков и 11 семейств свиноматок. Восемь крупнейших семей породы составляют 89.3% от общего количества маточного поголовья. Проведенное нами ДНК-типирование животных четырех наиболее многочисленных линий, представляющих породу, по локусам RYR1 и IGF2 выявило, что у подопытных животных полиморфизм отсутствует, то есть использовать эти ДНК-маркеры в селекционной работе с данной выборкой не является возможным. По маркеру MC4R в исследуемой выборке присутствовали животные с генотипами AA и GA, причем гетерозиготные животные GA составляют 50%, что дает возможность для проведения маркерной селекции на увеличение частоты аллеля G MC4R, который связан с меньшей толщиной подкожного сала. Установлено, что животные с генотипом GA по сравнению с AA достоверно отличались более низким возрастом достижения массы 100 кг (на 6.5%), меньшей толщиной шпика (на 10,6%) и большей площадью «мышечного глазка» (на 8.1%) . Племенную ценность подопытных животных определяли по двум моделям BLUP как с использованием данных типирования по маркеру MC4R в качестве фиксированного фактора так и без учета дан-

ного маркера. Прогнозируется, что потомки животных линии Днепра будут иметь самую высокую площадь “мышечного глазка”, но, в то же время, несколько худшие результаты по двум другим признакам. Животные линии Ловчика при оценке по модели, в которой учитывался фактор генотипа, по всем трем признакам получили оценки соответствующие желаемому направлению селекции (уменьшение толщины шпика и возраста достижения массы 100 кг при повышении площади “мышечного глазка»), что можно будет использовать в дальнейшей племенной работе. Установлено, что между результатами оценивания полученными по различным моделям существует тесная корреляционная связь, а по признаку “площадь мышечного глазка” даже “очень тесная” (по шкале Чеддока). Таким образом, результаты ДНК-типирования по гену MC4R могут быть использованы для повышения точности оценки при определении племенной ценности методом BLUP по признакам возраст достижения массы 100 кг и толщина шпика.

Ключевые слова: свиноводство, миргородская порода, селекция, днк-маркеры, прогнозирование, линейная модель.

Tsibenko V. G., Vashchenko P. A., Saenko A. M., Balatskij V. M., Shaferivsky B. S. Innovative selection-genetic methods in the breeding work with the mirgorodic pig breed

The genealogical structure of the Mirgorod breed as of 2018 consists of 6 stirps of boars and 11 stirps of sows. The eight largest sow's stirps of the breed represent 89.3% of the total number of breeding stock. Our DNA-typing of the four most numerous lines representing the breed at the loci of RYR1 and IGF2 revealed that there is no polymorphism in the experimental animals, so it is not possible to use these DNA markers in breeding work with this sample. According to the MC4R marker, animals with AA and GA genotypes were present in the sample, with heterozygous GA animals accounting for 50%, which makes it possible to carry out marker selection to increase the frequency of MC4R allele G, which is associated with a lower thickness of subcutaneous fat. It was established that animals with the GA genotype significantly differed by a lower age of reaching a mass of 100 kg (by 6.5%), a smaller back fat (by 10.6%) and a larger area of the “muscular section” (8.1%). The breeding value of the experimental animals was determined from the two BLUP models using both the MC4R marker typing data as a fixed factor and without taking this marker into account. It is predicted that the descendants of the animals of the Dnipro stirps will have the highest area of the “muscular eye”, but at the same time, slightly worse results on two other grounds. The animals of the Lovchik stirps in assessing the model in which the genotype factor was taken into account, on all three features, estimates were obtained corresponding to the desired breeding direction (decrease in the fat thickness and the age of reaching the weight of 100 kg with an increase in the area of the “muscular eye”), which can be used in a further breeding. It is established that between the results of the estimation obtained by different models there is a close correlation relationship, and on the basis of the “area of the muscular eye” even “very close” (on the Cheddock scale). the results of DNA typing for MC4R gene can be used to improve the accuracy in determining the estimation of breeding value BLUP method on the basis of age at 100 kg weight and the thickness of back fat.

Key words: pig, mirgorod breed, breeding, dna markers, forecasting, linear model.