

Вестник Курганской ГСХА. 2023. № 1 (45). С. 23-32
Vestnik Kurganskoj GSHA. 2023; (1-45): 23-32

Научная статья

УДК 636.4.082.12

Код ВАК 4.2.5

EDN: GTFCNX

МЯСНАЯ ПРОДУКТИВНОСТЬ ГЕНОТИПИРОВАННЫХ ТОВАРНЫХ ГИБРИДНЫХ СВИНЕЙ

Александр Геннадьевич Максимов^{1✉}

¹Донской государственный аграрный университет, п. Персиановский, Россия

¹maksimovvv2014@mail.ru✉, <https://orcid.org/0000-0003-1526-8010>

Аннотация. Задачей АПК является развитие животноводства и, в частности, свиноводства, так как свинина в рационе россиян составляет 35-37 %. Для повышения продуктивности свиней селекционеры все чаще используют ДНК-генотипирование для определения генотипов по генам, коррелирующим с хозяйственно-полезными признаками. Целью исследования является определение связи генотипов по генам MC4R, POU1F1 и GH у помесных подсвинков (Йоркшир x Ландрас x Дюрок) с их мясными и сальными качествами. Исследования проводились в ООО «Русская свинина» на товарных гибридах свиней. У 40 подсвинков после убоя отбирали пробы мышечной ткани из ножек диафрагмы и определяли их убойные качества. Генотипирование проводили в лаборатории молекулярной диагностики и биотехнологии сельскохозяйственных животных ФГБОУ ВО «Донской государственный аграрный университет» с помощью постановки ПЦР-ПДРФ. Среди исследованных особей по MC4R-гену по большинству показателей мясной продуктивности наблюдалось превосходство животных AG – генотипа над AA- и GG-аналогами. По POU1F1 – гену подсвинки EE – генотипа превосходили животных генотипа – EF. По гену GH AA – особи по сравнению с AG и GG аналогами характеризовались лучшей массой парной туши на 8,11 % и 2,53%; длиной полуутки – на 2,31 % и 0,63 % и площадью «мышечного глазка» – на 4,92 % и 0,14 % соответственно. Впервые в условиях свинокомплекса ООО «Русская свинина» определялись генотипы трёхпородных подсвинков одновременно по трем генам MC4R, POU1F1 и GH, и определялись по ним желательные сочетания генотипов. По изученным генам желательными сочетаниями генотипов являются AG (MC4R), EE (POU1F1), AA (GH). Результаты рекомендуются использовать при подборе хряков и свиноматок с целью получения более продуктивных товарных потомков.

Ключевые слова: товарные свиньи, убойные качества, ДНК-генотипирование, гены MC4R, POU1F1, GH.

Для цитирования: Максимов А.Г. Мясная продуктивность генотипированных товарных гибридных свиней // Вестник Курганской ГСХА. 2023. № 1 (45). С. 23-32.

Scientific article

MEAT PRODUCTIVITY OF GENOTYPED COMMERCIAL HYBRID PIGS

Aleksander G. Maksimov^{1✉}

¹Don State Agrarian University, Persianovsky, Russia

¹maksimovvv2014@mail.ru✉, <https://orcid.org/0000-0003-1526-8010>

Abstract. The task of the agro-industrial complex is the development of animal husbandry and in particular pig breeding, since pork in the diet of Russians is 35-37 %. To increase the productivity of pigs, breeders are increasingly using DNA genotyping to determine genotypes by genes correlating with economically useful traits. The aim is to determine the relationship of genotypes by the MC4R, POU1F1 and GH genes in crossbred piglets (Yorkshire x Landrace x Duroc) with their meat and fatty qualities. The research was carried out in LLC «Russian pork» on commercial pig hybrids. Muscle tissue samples were taken from the diaphragm legs from 40 piglets after slaughter and their slaughter qualities were determined. Genotyping was carried out in the laboratory of Molecular diagnostics and Biotechnology of agricultural animals of the Don State Agrarian University with the help of PCR-PDRF. Among the studied individuals according to the MC4R gene, according to most indicators of meat productivity, the superiority of animals of the AG genotype over AA and GG analogues was observed. According to the POU1F1 gene, the piglets of EE – genotype were superior to the animals of the - EF genotype. According to the GH gene, AA individuals, compared with AG and GG analogues, were characterized by a better mass of a paired carcass by 8.11 % and 2.53 %; a long half-carcass by 2.31 % and 0.63 % and the area of the «muscle eye» by 4.92 % and 0.14 %, respectively. For the first time in the conditions of the Russian Pork LLC pig complex, the genotypes of commodity piglets were simultaneously established for three genes MC4R, POU1F1, GH and the desired combinations of genotypes were determined from them. According to the studied genes, desirable combinations of genotypes are: AG (MC4R), EE (POU1F1), AA (GH). The results are recommended to be used in the selection of boars and sows in order to obtain more productive commodity descendants.

Keywords: commercial pigs, slaughter qualities, DNA genotyping, MC4R, POU1F1, GH genes.

For citation: Maksimov A.G. Meat productivity of genotyped commercial hybrid pigs. Vestnik Kurganskoj GSHA. 2023; (1-45). 23-32. (In Russ.).

Введение. Главные инстинкты любого здравомыслящего человека – инстинкт самосохранения и пищевой, причем этот факт не зависит от национальности, вероисповедания и даже уровня технического развития человека.

В связи с этим в современных условиях давления санкций со стороны некоторых стран, для обеспечения пищевой безопасности страны важнейшей задачей АПК является развитие животноводства.

По разным данным (в 2020, 2021 годах), в потребительскую корзину россиян входят различные виды мяса и мясопродуктов, имеющие следующее распределение по видам (в %): мясо птицы (в основном куриное) – 43-47; свинина – 33-37; говядина и телятина – 13-17; баранина – 5-7.

Свинина – это один из самых недорогих видов мяса в нашей стране (дешевле только мясо кур). Необходимо отметить, что по свинине мы обеспечиваем себя практически на 100 %, а по некоторым данным, даже имеем избыток и отправляем ее на экспорт. Однако для ведения свиноводства на высокоеффективном уровне при проведении мероприятий по отбору и подбору необходимо применять современные методы ДНК-генотипирования животных для определения их генотипов по генам, коррелирующим с хозяйствственно-полезными признаками [1].

В связи с этим для повышения эффективности свиноводства селекционеры постоянно ведут работу по совершенствованию существующих и созданию новых пород, типов, линий и гибридов.

По данным нескольких исследований, в селекции животных, наряду с традиционными, используются и новые методы оценки и отбора. К числу последних относятся современные методы ДНК-технологий, позволяющие идентифицировать гены, прямо или косвенно связанные с хозяйствственно-полезными качествами животных [2-4, 5-7].

У свиней выявлено более 80 генов, связанных с хозяйствственно-полезными признаками. Но эта работа не завершена и нуждается в продолжении для уточнения действия различных ген-маркеров, а также поиска новых, оптимальных при использовании в селекции в связи с тем, что влияние генотипов по некоторым генам зависит не только от породной принадлежности или пола, но и от факторов внешней среды, в которых выращиваются эти животные.

К числу генов, связанных с откормочной и мясной продуктивностью, относятся и гены меланокортикового рецептора-4 (MC4R), гипофизарного фактора транскрипции (POU1F1) и гормона роста (GH) [2].

Материалы и методы. Целью наших исследований явилось определение взаимосвязи генотипов по генам MC4R, POU1F1 и GH у трёхпородных гибридов (Йоркшир x Ландрас x Дюрок) свиней с их мясной и сальной продуктивностью. Данные товарные животные были получены от искусственного осеменения помесных свиноматок ($\frac{1}{2}$ Й♀ + $\frac{1}{2}$ Л♂) спермой ♂ породы Дюрок.

Впервые на свинокомплексе ООО «Русская свинина» устанавливались генотипы трёхпород-

ных товарных подсвинков (Йоркшир x Ландрас x Дюрок) одновременно по трем генам MC4R, POU1F1 и GH, и определялись по ним желательные сочетания генотипов.

Эксперимент проводился на товарных гибридах свиней, выращенных в ООО «Русская свинина». У 40 трехпородных гибридов на Выселковском мясокомбинате (Краснодарского края) сразу же после убоя отбирались пробы мышечной ткани из ножек диафрагмы.

Убойные качества подсвинков определяли по ГОСТ Р 57879-2017: масса парной туши, кг; длина полутуши, см; длина беконной половинки, см; площадь «мышечного глазка» (площадь поперечного разреза длиннейшей мышцы спины измеряли между первым и вторым поясничными позвонками), см²; толщина шпика – на холке, над остистыми отростками 6-7 грудных позвонков, над последним ребром, над 1-м, 2-м и 3-м крестцовыми позвонками, мм.

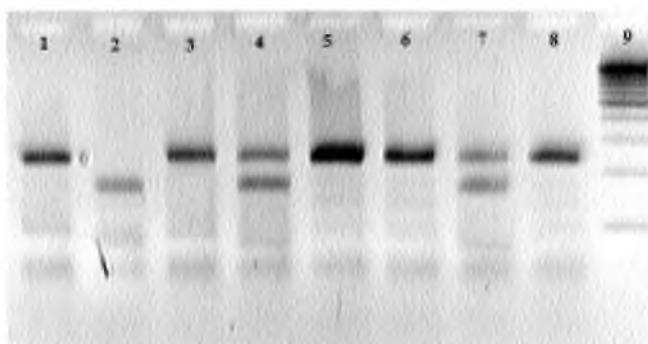
Генотипирование по изучаемым генам MC4R, POU1F1 и GH проводили в лаборатории молекулярной диагностики и биотехнологии сельскохозяйственных животных ФГБОУ ВО «Донской государственный аграрный университет» с помощью постановки ПЦР-ПДРФ (полимеразной цепной реакции с определением длин рестрикционных фрагментов).

Полиморфизм длин рестрикционных фрагментов или сокращенно ПДРФ (с англ. Restriction fragment length polymorphism, RFLP) это способ исследования геномной ДНК путём разрезания гена (ДНК) с помощью ферментов (эндонуклеаз) рестрикции для дальнейшего анализа размеров образующихся фрагментов (или рестриктов) путем гель-электрофореза (как правило в 2-3 % агарозном геле с добавлением бромистого этидия) [8-9].

MC4R (ген меланокортикового рецептора-4) у свиней локализован в 1-й хромосоме (SSC1) [10]. Последовательность гена MC4R была представлена в Gen Bank под регистрационным номером AF 087937. Полиморфизм MC4R определяли в позиции 1426. Анализ последовательности нуклеотидов при помощи рестрикций Taq I показал однонуклеотидную замену G (гуанина) → на A (аденин). Миссенс-мутация сопровождается изменением аминокислотного состава (то есть заменой аспарагина на аспарагиновую кислоту) белковой молекулы [11]. Были выявлены 2 аллеля MC4R: A (Asn 298 – AAU), и G (Asn 298 – GAU).

Для выделения ДНК из образцов мышечной ткани (из ножек диафрагмы) свиней использовали

набор DiAtom DNA Prep 100 («Изоген», Россия). Для определения генотипов гена MC4R получали специфический фрагмент – амплификат ДНК и с помощью рестриктазы Taq I получали фрагменты различной длины. При наличии мутации фермент не разрезает выделенный фрагмент, и на геле регистрируется одна полоса – 226 пар нуклеотидов (п.н.), что соответствует генотипу AA. Если амплификат ДНК расщепляется на две части, то на нем видны две полосы – 156 и 70 п.н., значит, мутация в нем отсутствует, и такая проба соответствует генотипу GG, три полосы – 226, 156 и 70 п.н. – гетерозиготному генотипу AG. Анализ образующихся фрагментов проводили методом электрофореза в 2%-агарозном геле с добавлением бромистого этидия (рисунок 1) [12].



1, 3, 5, 6 и 8 – генотип AA (226 п.н.); 2 – генотип GG (156- и 70 п.н.); 4 и 7 – генотип AG (226-, 156- и 70 п.н.); 9 – ДНК-маркер 100 bp

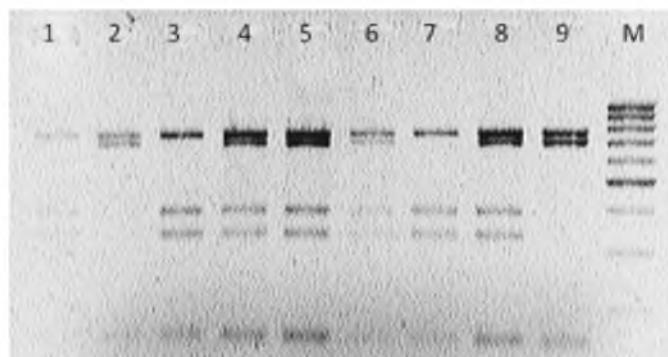
Рисунок 1 – Электрофореграмма ПЦР-ПДРФ гена MC4R

POU1F1/RsaI – гипофизарный фактор транскрипции. Ген POU1F1 локализован в 13-й хромосоме (SSC13). Три полиморфизма POU1F1 были обнаружены YU. и др. (1993, 1994) с помощью эндонуклеаз BamHI, MspI и RsaI.

ПЦР-ПДРФ анализ фрагмента 1746 п.н. гена POU1F1, включающего 4, 5 и 6 экзоны, проводили с использованием рестриктазы Rsa I. Полиморфизм гена обусловлен точечной мутацией, приводящей к образованию двух аллелей – E и F. Размер полученных рестрикционных фрагментов и генотипы определяли методом электрофореза в 2,5%-агарозном геле с добавлением бромистого этидия. Визуализацию электрофореграмм проводили на трансиллюминаторе в УФ-свете.

Рестриктаза Rsa I расщепляет ПЦР – продукт на фрагменты 322, 388 и 730 п.н., что соответствует генотипу FF; 710 и 730 п.н. – генотипу EE; 322, 388, 710 и 730 п.н. – генотипу EF (рисунок 2) [13]. В нашем опыте у животных были

выявлены лишь два генотипа: EE и EF.

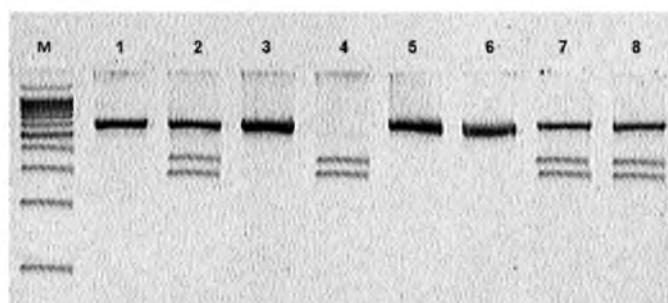


1, 3, 7 – генотип FF (322-, 388-, 730 н.п.); 2, 9 – генотип EE (710- и 730 н.п.); 4, 5, 6, 8 – генотип EF (322-, 388-, 710- и 730 н.п.); 10 – ДНК-маркер 100 bp (СибЭнзим)

Рисунок 2 – Электрофореграмма ПЦР-ПДРФ гена POU1F1/ RsaI

GH (ген гормона роста) (Gene ID: 396884). Полиморфизм гена установлен в области хромосомы 12p 1.2-R1. Точка мутации G3116 A, расположенная во втором экзоне гена GH, может быть определена методом ПЦР-ПДРФ [14].

ПЦР-ПДРФ анализ фрагмента гена GH длиной 604 п.н. проводили с использованием рестриктазы Fok I. Размер рестрикционных фрагментов определяли методом электрофореза в 2,5%-агарозном геле с добавлением бромистого этидия. Рестриктаза Fok I разделяет ПЦР фрагмент на две части длиной 345 и 259 п.н., что соответствует генотипу GG, фрагмент, длиною 607 п.н. соответствует генотипу AA, три фрагмента 607, 345 и 259 п.н. соответствуют генотипу AG (рисунок 3) [15].



5 – генотип GG (345 и 259 п.н.); 1, 3, 5, 6 генотип AA (604 п.н.); 2, 4, 7, 8 – генотип AG (604, 345 и 259 п.н.); М – ДНК-маркер 100 bp (СибЭнзим)

Рисунок 3 – Электрофореграмма ПЦР-ПДРФ гена GH / Fok I

Результаты исследований были подвергнуты биометрической обработке на персональном компьютере с использованием программы Excel.

Результаты исследований и их обсуждение.

Ген MC4R (ген меланокортинового рецептора – 4) влияет на регулирование энергетического гомеостаза, скороспелость, потребление корма и упитанность свиней. Некоторые исследователи считают, что влияние генотипов по MC4R-гену на продуктивные качества зависит от породной принадлежности животных.

Нами установлено, что по гену MC4R 27,5 % (11 гол.) подсвинков имели генотип AA, 65 % (26 гол.) – AG, 7,5 % (3 гол.) – GG. Частота аллеля: A = 0,60 в долях единицы (или 60 %), G = 0,40 (40 %).

Г. В. Максимов, Л. В. Гетманцева установили, что у трёхпородных гибридов свиней Л х Й х Д, AG-генотип (MC4R) был связан с лучшей мясной продуктивностью [3].

А. Е. Святогоровой с соавт. установлено (2022) на чистопородных свиньях породы дюрок в ЗАО «Племзавод-Юбилейный» Тюменской области частота встречаемости аллеля A (ген – MC4R) составила 0,66 у свинок и 0,70 у хрячков, а аллеля G – 0,34 у свинок и 0,30 у хрячков. У свинок частота генотипа AG = 51,1 %, генотипа AA = 40,0 %, GG = 8,9 %. У хрячков частота генотипа AA составила 50,0 %, AG = 40,0 % и GG = 10,0 %. Также авторы отмечают, что откормочные и мясные качества свиней зависят от генетических особенностей породы и от пола животных [12]. То есть существует зависимость еще и от того, какой селекции были эти животные.

В нашем опыте (рисунок 4) подсвинки генотипа AG – MC4R ген превосходили AA- и GG-аналогов по: массе парной туши на 2,62 (3,29 %, P>0,90) и 1,91 (2,37 %, P <0,90) кг; длине полутуши – на 1,76 (1,77 %, P>0,99) и 0,59 (0,59 %, P <0,90) см; площади «мышечного глазка» на 3,19 (8,09%, P>0,99) и 2,48 (6,18 %, P <0,90) см² соответственно.

Толщина шпика (рисунок 5) на холке, над 6-7 остистыми отростками спинных позвонков, последним ребром, 1-м и 3-м крестцовыми позвонками была меньше у AG-подсвинков в сравнении с AA и GG особями на: 2,32 (6,75 %, P>0,99) и 4,42 (12,13 %, P <0,90) мм; 1,49 (6,83 %, P>0,99) и 1,70 (7,72 %, P <0,90) мм; 2,62 (13,02 %, P>0,95) и 0,57 (3,15 %, P <0,90) мм; 2,90 (19,40 %, P>0,95) и 0,33 (2,67 %, P <0,90) мм; 5,13 (27,94 %, P>0,95) и 0,84 (5,97 %, P<0,90) мм соответственно.

Из приведенных результатов следует, что AG – особи по большинству показателей мясной продуктивности значительно превосходили свои AA- и GG-аналоги.

В то же время, GG подсвинки по длине беконной половины превосходили AA и AG-особей на 4,07 (5,00 %, P<0,90) и 0,51 (0,60 %, P<0,90) см, а по толщине шпика над 2-м крестцовым позвонком имели меньшую толщину на 2,85 (18,33 %, P<0,90) и 0,25 (1,93 %, P <0,90) мм соответственно, хотя данное превосходство все же было недостоверным из-за немногочисленности (всего 3 гол., или 7,5 %) животных генотипа – GG.

Особи AA – генотипа (по гену MC4R) по всем учитываемым признакам характеризовались самыми низкими показателями.

Ген POU1F1 (гипофизарный фактор транскрипции 1 известный также как PIT-1 или GHF-1) один из наиболее перспективных генов-кандидатов откормочной и мясной продуктивности свиней [16]. Этот ген является регулирующим транскрипционным фактором передней доли гипофиза, который эффективно стимулирует экспрессию генов гормона роста, пролактина и тиреотропного гормона. Он является локусом количественных признаков (QTL) темпа роста и упитанности туши, т. е. контролирует откормочные (скороспелость, затраты корма, прирост жи-

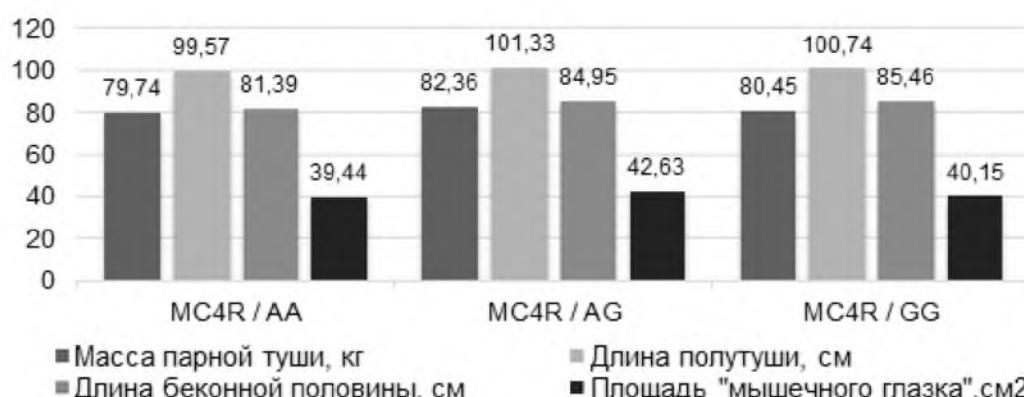


Рисунок 4 – Мясные качества подсвинков разных генотипов по гену MC4R

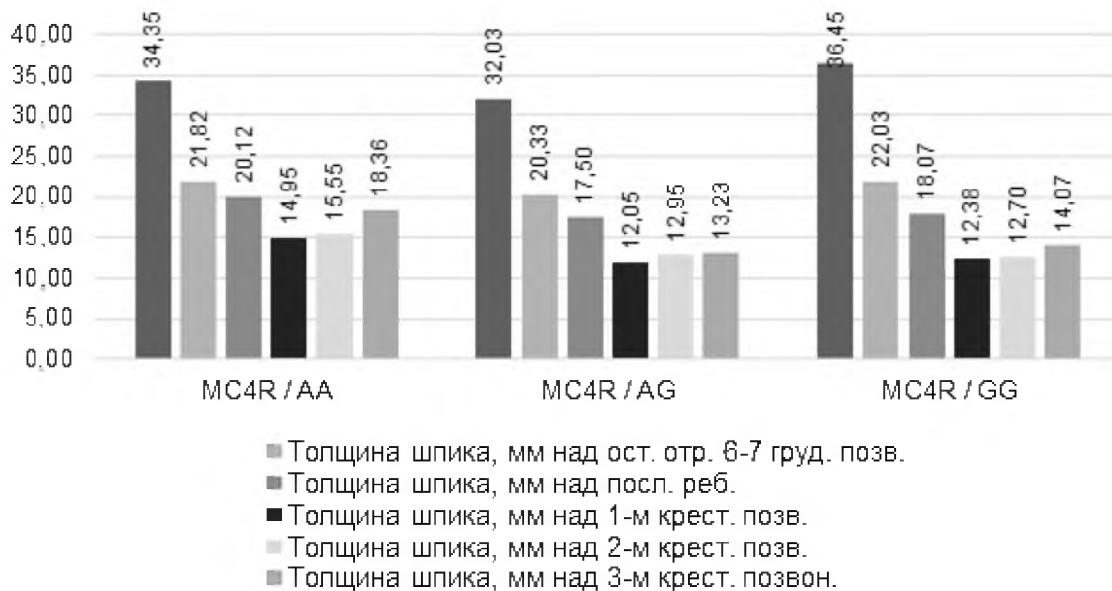


Рисунок 5 – Толщина шпика подсвинков разных генотипов по гену MC4R

вой массы) и мясные качества свиней (в частности, толщину шпика, площадь «мышечного глазка») [4, 17-18].

Исследования, направленные на изучение роли POU1F1, показали, что он оказывает влияние на вес при рождении, на скорость роста и состав туши [19].

Согласно литературным источникам, однозначного мнения относительно «желательного» генотипа по откормочным и мясным качествам на сегодняшний день не существует, что, возможно, связано с генетическими особенностями различных пород свиней [19-20].

По гену POU1F1 исследованные нами гибриды свиней имели следующее распределение по генотипам: EE – 67,5 % (27 гол.), EF – 32,5 % (13 гол.). При этом частота аллеля E составила 0,8375 (83,75 %), F = 0,1625 (16,25 %).

Особей генотипа – FF не обнаружено, что

согласуется с результатами наших прошлых исследований и изысканий других авторов, проведенных на трехпородных гибридах (Л x И x Д) в более раннее время [2].

В нашем опыте (рисунки 6, 7) ЕЕ – подсвинки превосходили EF – аналоги по длине полутуши на 1,47 см (1,48 %, $P>0,99$), длине беконной половины на 2,2 см (2,68 %, $P>0,99$), площади «мышечного глазка» на 2,63 см² (6,62 %, $P>0,95$), толщине шпика над 6-7 остистыми отростками спинных позвонков на 0,1 мм (0,45 %, $P>0,90$), последним ребром на 1,33 мм (7,13 %, $P>0,95$), 3-м крестцовым позвонком на 0,47 мм (3,08 %, $P>0,90$).

EF – особи имели преимущество над ЕЕ – аналогами по массе парной туши на 0,91 кг (1,13 %, $P<0,90$), обладали меньшей толщиной шпика: на холке на 0,49 мм (1,43 %, $P<0,90$), над 1-м и 2-м крестцовыми позвонками на 0,4 мм

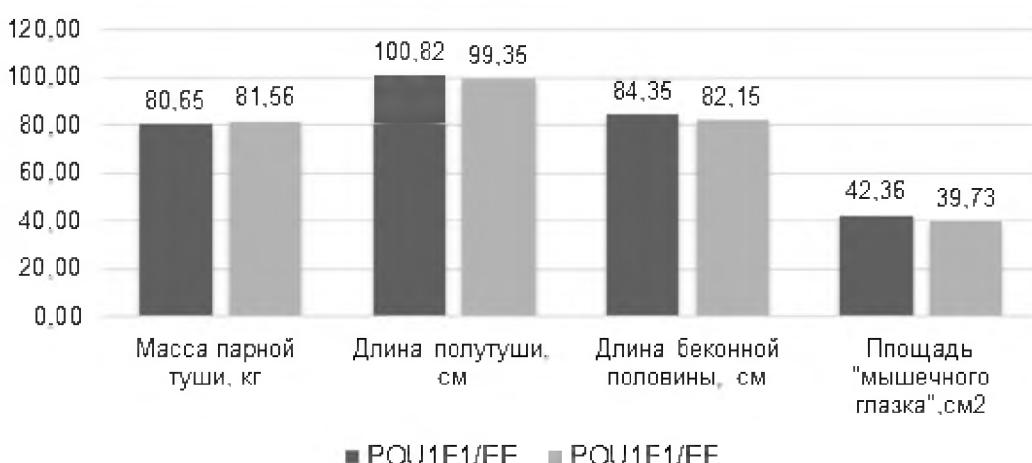


Рисунок 6 – Мясные качества подсвинков разных генотипов по гену POU1F1

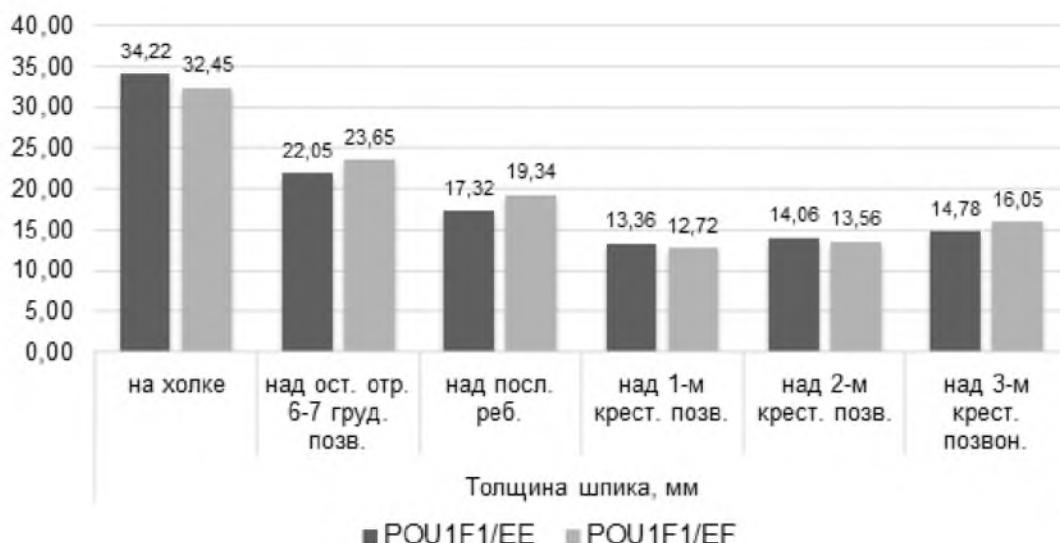


Рисунок 7 – Толщина шпика подсвинков разных генотипов по гену POU1F1

(2,99 %, $P > 0,95$) и 0,52 мм (3,70 %, $P > 0,95$) соответственно. Однако не по всем перечисленным показателям это было достоверно.

GH-ген гормона роста связан с мясными качествами и содержанием брюшного жира у различных европейских пород и линий свиней. Регулирует ростовые процессы клеточной пролиферации и дифференцировки тканей.

Мутация в регуляторной области гена GH может влиять на уровень транскрипции и привести к повышению концентрации GH в плазме. Ученые определили полиморфизм в регуляторной области гена GH, но не выявили прямую причинно-следственную связь между этим полиморфизмом и ростом концентрации GH в плазме. Исследованиями 1990-х годов установлена связь полиморфизма гена гормона роста с мясными качествами в различных европейских породах и линиях свиней, что позволило рассматривать ген GH в качестве маркера мясной продуктивности [14, 21].

Темпы роста и состав тела являются двумя важными характеристиками в производстве животноводческой продукции. Современное состояние отрасли свиноводства требует высоких темпов роста и большой процент выхода постного мяса вместе с эффективной конверсией корма. По результатам многочисленных исследований ученых выявлено, что определенные варианты гена гормона роста (GH) связаны с более высокой мышечной массой и сравнительно низкой жирностью у свиней. Кроме того, имеются данные о связи гена GH с высокой конверсией корма, лучшей скороспелостью и среднесуточным приростом. В результате изучения

данных работ ясно, что эффект гена GH зависит от генетического потенциала конкретной породы и склонности ее, например, к отложению жира. Имеются данные, что животные породы ландрас немецкой породы показали более высокую связь вариантов гена GH с накоплением жира, чем порода пьетрен. Кроме того, отобранные свиньи по показателю веса при убое или низкой средней толщины шпика имеют более высокие базальные концентрации GH, чем у неотобранных для этих целей животных [14-15, 21-22].

Среди исследованных нами животных по гену GH (ген гормона роста) частота генотипов по гену GH составила AA – генотип 10 % (4 гол.), AG – 37,5 % (15 гол.) и GG – 52,5 % (21 гол.). Р_A составила 0,2875 (28,75 %), аллеля G – 0,7125 (71,25 %). Подсвинки AA – генотипа по сравнению с AG и GG – особями обладали лучшими показателями по массе парной туши – 6,34 (8,11 %, $P > 0,99$) и 2,09 (2,53 %, $P > 0,95$) кг; длине полутуши на 2,28 (2,31 %, $P > 0,95$) и 0,63 (0,63 %, $P > 0,90$) см; площади «мышечного глазка» на 1,96 (4,92 %, $P > 0,95$) и 0,06 см² (0,14 %, $P < 0,90$) соответственно (рисунок 8).

Толщина шпика (рисунок 9) у AA – животных в сравнении со своими AG и GG – аналогами была меньше в следующих точках: на холке – на 0,5 (1,48 %, $P > 0,95$) и 0,81 (2,38 %, $P > 0,95$) мм, над 6-7 остистыми отростками спинных позвонков на 0,31 (1,45 %, $P > 0,90$) и 1,22 (5,46 %, $P > 0,95$) мм, а над последним ребром – на 1,16 (6,41 %, $P > 0,95$) и 0,4 (2,31 %, $P > 0,90$) мм соответственно.

Подсвинки AG генотипа имели достоверное превосходство над представителями AA и GG –

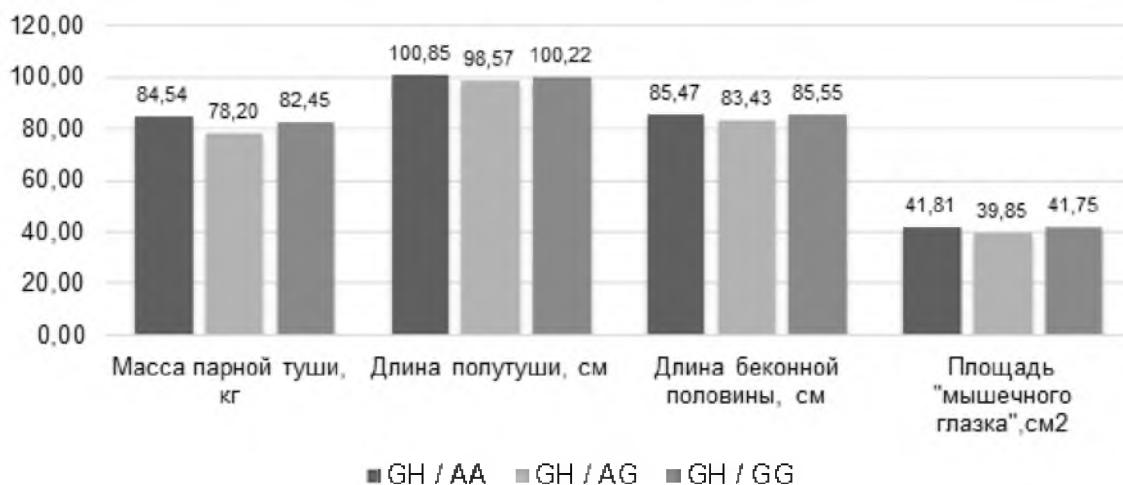


Рисунок 8 – Мясные качества подсвинков разных генотипов по гену GH

генотипов только по толщине шпика над 3-м крестцовым позвонком на 1,12 (6,27 %, $P>0,95$) и 0,71 (4,07 %, $P>0,90$) мм соответственно.

GG-подсвинки превышали показатели AA и AG свиней по длине беконной половины на 0,08 (0,09 %, $P<0,90$) и 2,12 (2,54 %, $P>0,95$) см, а по толщине шпика над 1-м и 2-м крестцовыми позвонками имели более тонкий шпик на 0,33 (2,54 %, $P<0,90$) и 0,52 (3,94 %, $P>0,90$) мм, 0,38 (2,83 %, $P<0,90$) и 0,3 (2,25 %, $P<0,90$) мм соответственно.

Таким образом, особи генотипа GG по большинству показателей обладали промежуточными характеристиками, существенно превышая AG-аналогов.

Заключение. Частота генотипов и аллелей (в %) по изученным генам у подопытных животных составила: по гену MC4R – генотип AA = 27,5 %, AG = 65 %, GG = 7,5 %, $P_A = 60\%$ и $P_G = 40\%$; по гену POU1F1 – генотип EE = 67,5 %, EF = 32,5 %, животных FF – генотипа не выяв-

лено, $P_E = 83,75\%$ и $P_F = 16,25\%$; по гену GH-генотип AA = 10 %, AG = 37,5 %, GG = 52,5 %, $P_A = 28,75\%$ и $P_G = 71,25\%$.

Участвовавшие в нашем опыте подсвинки обладали максимальным уровнем гомозиготности по генам POU1F1 и GH, что может быть связано с длительной селекцией по желательным аллелям данных генов. В тоже время по MC4R-гену наши животные в 65 % случаев имели генотип AG.

Среди исследованных особей по гену MC4R, по большинству показателей мясной продуктивности, наблюдалось значительное превосходство животных AG-генотипа над AA- и GG-аналогами. GG-подсвинки по длине беконной половины превосходили AA и AG-особей на 5,00 % и 0,60 %, а по толщине шпика над 2-м крестцовым позвонком имели меньшую толщину на 18,33 % и 1,93 % соответственно, однако это превосходство было недостоверным ввиду немногочисленности жи-

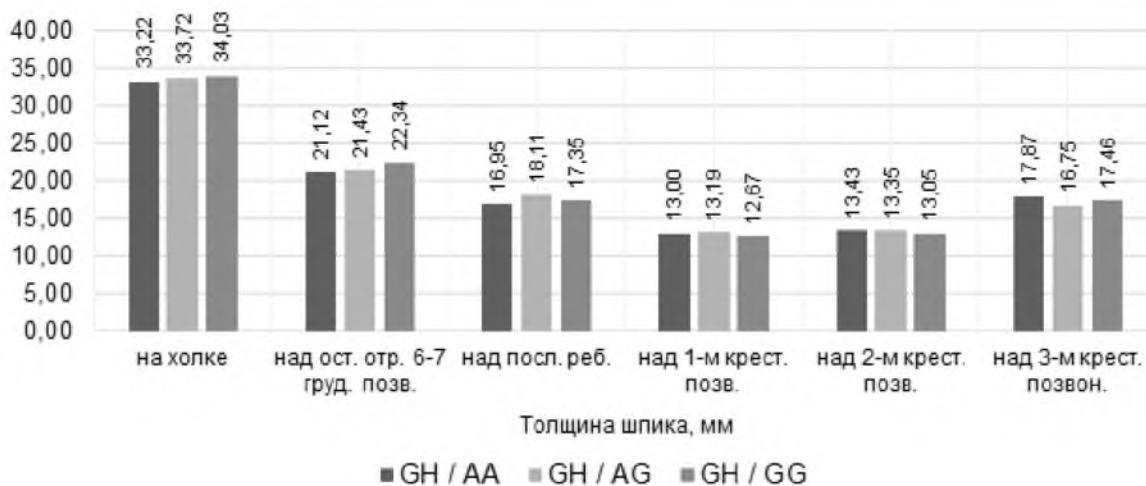


Рисунок 9 – Толщина шпика подсвинков разных генотипов по гену GH

вотных GG-генотипа. Особи AA-генотипа по всем изученным признакам характеризовались самыми низкими показателями.

По гену POU1F1 подсвинки EE-генотипа достоверно превосходили животных генотипа EF по: длине полутуши на 1,48%; длине беконной половинки на 2,68%; площади «мышечного глазка» на 6,62%; толщине шпика над 6-7 остистыми отростками грудных позвонков на 0,45%, последним ребром на 7,13%, 3-м крестцовым позвонком на 3,08%. В тоже время EF-особи (ген POU1F1) обладали преимуществом над EE-аналогами по массе парной туши на 1,13% ($P<0,90$), имели меньшую толщину шпика: на холке на 1,43% ($P<0,90$), над 1-м и 2-м крестцовыми позвонками на 2,99% ($P>0,95$) и 3,70% ($P>0,95$) соответственно. Однако не по всем перечисленным показателям это было достоверно.

По гену GH особи генотипа-AA по сравнению с AG и GG-особями обладали лучшими показателями по: массе парной туши на 8,11% ($P>0,99$) и 2,53% ($P>0,95$); длине полутуши на 2,31% ($P>0,95$) и 0,63% ($P>0,90$); площади «мышечного глазка» на 4,92% ($P>0,95$) и 0,14% ($P<0,90$) соответственно.

Толщина шпика у подсвинков AA-генотипа в сравнении AG и GG-аналогами достоверно была меньше в следующих точках: на холке – на 1,48% и 2,38%, над 6-7 остистыми отростками спинных позвонков на 1,45% и 5,46%, а над последним ребром – на 6,41% и 2,31% соответственно. AG-особи имели достоверное превосходство над представителями AA и GG-генотипов только по толщине шпика над 3-м крестцовым позвонком на 6,27% и 4,07% соответственно. GG-подсвинки превышали показатели AA и AG-животных по длине беконной половинки на 0,09% ($P<0,90$) и 2,54% ($P>0,95$), а по толщине шпика над 1-м и 2-м крестцовыми позвонками имели более тонкий шпик на 2,54% ($P<0,90$) и 3,94% ($P>0,90$), 2,83% ($P<0,90$) и 2,25% ($P<0,90$) соответственно. Особи GG – генотипа по большинству показателей обладали промежуточными характеристиками, существенно превышая AG-аналогов.

По изученным генам – MC4R, POU1F1 и GH, в исследованной нами выборке животных ($n=40$), по мясным показателям желательными сочетаниями генотипов являются AG (MC4R), EE (POU1F1), AA (GH).

Полученные результаты рекомендуется использовать при подборе хряков и свиноматок с целью получения более продуктивных товарных потомков.

Список источников

1. Максимов А.Г., Максимов Н.А. ДНК-генотипирование свиноматок ландрас х йоркшир и их репродуктивные качества // Вестник Курганской ГСХА. 2021. № 1 (37). С. 23-27.
2. Генотип по генам MC4R, IGF2, POU1F1, h-FABP, GH, LEP и мясность гибридов свиней / А.Г. Максимов [и др.] // Главный зоотехник. 2017. № 10. С. 14-34. EDN: ZIOQFV.
3. Максимов Г.В., Гетманцева Л. В. Влияние гена MC4R на мясную продуктивность свиней // Главный зоотехник. 2011. № 10. С. 9-12. EDN: PEHNAP.
4. Максимов Г.В., Гетманцева Л.В., Максимов А.Г. Мясная продуктивность товарных гибридов свиней разных генотипов по гену POU1F1 // Главный зоотехник. 2012. № 5. С. 13-15. EDN: PDISOB.
5. Оценка животных пород йоркшир и ландрас в зависимости от линейной принадлежности и панели генов-маркеров PRKAG3, MC4R и MYOD1 / А.А. Бальников [и др.] // Российская сельскохозяйственная наука. 2021. № 5. С. 51-57. DOI: 10.31857/S2500262721050100. EDN: SQLZQV.
6. Полиморфизм ДНК-маркеров, ассоциированных с качеством мяса у свиней трехпородного скрещивания / И.М. Чернуха [и др.] // Все о мясе. 2013. № 2. С. 30-33.
7. Максимов А.Г., Максимов Н.А. Генотипирование свиноматок по генам гипофизарного фактора транскрипции и меланокортинового рецептора 4 в связи с репродуктивными качествами // Вестник Курганской ГСХА. 2022. № 1 (41). С. 39-45. DOI: 10.52463/22274227_2022_41_39. EDN: CZBFXC.
8. Оценка продуктивных качеств свиней пород йоркшир и ландрас по генам PRKAG3, MC4R и MYOD1 / А.А. Бальников [и др.] // Генетика и разведение животных. 2021. № 2. С. 28-35. DOI: 10.31043/2410-2733-2021-2-28-35. EDN: YVAQQX.
9. Генотипическая структура разных пород свиней по генам MC4R и LEP и их связь с продуктивностью / Г.М. Гончаренко [и др.] // Свиноводство. 2018. № 4. С. 11-15. EDN: XQOKDR.
10. SSR analysis of maternal and paternal lines selected in the don region (Russia) / N.V. Markin [et al.] // American Journal of Agricultural and Biological Science. 2016. Vol. 11. No 1. Pp. 13-18. DOI: 10.3844/ajabssp.2016.13.18. EDN: WWAPFF.
11. Казутова Ю.С., Бальников А.А., Гридюшко И.Ф. Показатели мясной продуктивности свиней пород ландрас и йоркшир в зависимости от генотипов по генам MC4R, MYOD1, MYF4 // Аграрный вестник Урала. 2021. № 2 (205). С. 65-71.

DOI: 10.32417/1997-4868-2021-205-02-65-71.
EDN: FWSOIA.

12. Влияние полиморфизма гена MC4R на откормочные и мясные качества свиней / А.Е. Святогорова [и др.] // Известия Нижневолжского агроуниверситетского комплекса: Наука и высшее профессиональное образование. 2022. № 2 (66). С. 298-306. DOI: 10.32786/2071-9485-2022-02-37. EDN: RNDDKC.

13. Влияние гена POU1F1 на откормочные и мясные качества свиней / Л.В. Гетманцева [и др.] // Современные проблемы науки и образования. 2015. № 2-1. С. 746. EDN: UHXHRP.

14. Knorr C., Moser G., Geldermann H. Associations of GH gene variants with performance traits in F2 generations of European wild boar, Pietran and Meishan pigs // Anim Genet. 1997. No 28. Pp. 124-128.

15. Колосов А.Ю., Леонова М.А., Гетманцева Л.В. Полиморфизм гена гормона роста (GH) и его связь с продуктивностью свиней породы // Международный научно-исследовательский журнал. 2016. № 9-3 (51). С. 116-118. DOI: 10.18454/IRJ.2016.51.144. EDN: WLVCZD.

16. Гетманцева Л.В. Влияние полиморфизма генов MC4R, IGF2 и POU1F1 на продуктивные качества свиней: дис. ... канд. с.-х. наук: 06.02.07: утв. 13.03.2012. Персиановский, 2012. 141с.

17. Перспективные гены-маркеры продуктивности сельскохозяйственных животных / М.А. Леонова [и др.] // Молодой ученый. 2013. № 12 (59). С. 612-614. URL: <https://moluch.ru/archive/59/8408/> (дата обращения: 07.12.2022).

18. Перспективные гены-маркеры продуктивности свиней / Н.В. Михайлов [и др.] // Вестник Донского государственного аграрного университета. 2013. № 3 (9). С. 16-19. EDN: SAAXLH.

19. PIT1 gene polymorphism in Pietrain and Large White pigs after divergent selection / Silveira A.C. [et al.] // GenetMolRes. 2009. No 8 (3). Pp. 1008-12. DOI: 10.4238/vol8-3gmr609.

20. Association of PIT1, GH and GHRH polymorphisms with performance and carcass traits in Landrace pigs / Franco M.M., Antunes R.C., Silva H.D., Goulart L.R. // J Appl Genet. 2005. No 46 (2). Pp. 195-200. PMID: 15876687.

21. Growth hormone gene polymorphisms and growth performance traits in Duroc, Landrace and Tao-Yuan pigs / Cheng W.T., Lee C.H., Hung C.M., Chang T.J., Chen C.M. // Theriogenology. 2000. No 54 (8). Pp. 1225-37. DOI: 10.1016/s0093-691x(00)00429-5. PMID: 11192181.

22. Faria D., Guimarães F., Lopes P.S. Association between G316A growth hormone polymorphism and economic traits in pigs // J. Genet. Mol. Biol. 2006. Vol. 29. No.4.

References

1. Maksimov A.G., Maksimov N.A. DNK-genotirovanie svinomatok landras kh iorkshir i ikh reproduktivnye kachestva [Genotyping of sows by genes of pituitary transcription factor and melanocortin receptor in connection with the reproductive qualities]. *Vestnik Kurganskoy GSHA*. 2022; (1-41): 39-45. (In Russ).
2. Maksimov A.G. et al. Genotip po genam MC4R, IGF2, POU1F1, h-FABP, GH, LEP i myasnost' gibridov svinei [Genotype by genes MC4R, IGF2, POU1F1, h-FABP, GH, LEP and the locality of pig hybrids]. *Glavnyi zootehnika*. 2017; (10): 14-34. EDN: ZIOQFV. (In Russ).
3. Maksimov G.V., Getmantseva L.V. Vliyanie gena MS4R na myasnuyu produktivnost' svinei [The influence of the MC4R gene on the meat productivity of pigs]. *Glavnyi zootehnika*. 2011; (10): 9-12. EDN: PEHNAP (In Russ).
4. Maksimov G.V., Getmantseva L.V., Maksimov A.G. Myasnaya produktivnost' tovarnykh gibridov svinei raznykh genotipov po genu POU1F1 [Meat productivity of commercial pig hybrids of different genotypes according to the POU1F1 gene]. *Glavnyi zootehnika*. 2012; (5): 13-15. EDN: PDIS-OB. (In Russ).
5. Balnikov A.A. et al. Otsenka zhivotnykh po rod iorkshir i landras v zavisimosti ot lineinoi pridadlezhnosti i paneli genov-markerov PRKAG3, MC4Ri MYOD1 [Evaluation of Yorkshire and Landrace animal breeds depending on the linear affiliation and panel of marker genes PRKAG3, MC4R and MYOD1. *Russian Agricultural Sciences*. 2021; (5): 51-57. DOI: 10.31857/S2500262721050100. EDN: SQLZQV. (In Russ).
6. Chernukha I.M. et al. Polimorfizm DNK-markerov, assotsiirovannykh s kachestvom myasa u svinei trekhporodnogo skreshchivaniya [Polymorphism of DNA markers associated with meat quality in three-breed crossing pigs]. *Vsy o myase*. 2013; (2): 30-33. (In Russ).
7. Maksimov A.G., Maksimov N.A. Genotirovanie svinomatok po genam gipofizarnogo faktora transkriptsiyi melanokortinovogo retseptora 4 v svyazi s reproduktivnymi kachestvami [Genotyping of sows by genes of pituitary transcription factor and melanocortin receptor 4 in connection with the reproductive qualities]. *Vestnik Kurganskoy GSHA*. 2022; (1-41): 39-45. DOI: 10.52463/22274227_2022_41_39.

- EDN: CZBFXC. (In Russ).
8. Balnikov A.A. et al. Otsenka produktivnykh kachestv svinei porod iorkshir i landras po genam PRKAG3, MC4R i MYOD1 [Assessment of productive qualities of Yorkshire and Landrace pigs by PRKAG3, MC4R and MYOD1 genes]. *Genetics and breeding of animals*. 2021; (2): 28-35. DOI: 10.31043/2410-2733-2021-2-28-35. EDN: YVAQQX. (In Russ).
 9. Goncharenko G.M. et al. Genotipicheskaya struktura raznykh porod svinei po genam MC4R i LEP i ikh svyaz' s produktivnost'yu [Genotypic structure of different breeds of pigs by MC4R and LEP genes and their relationship with productivity]. *Pigbreeding*. 2018; (4): 11-15. EDN: XQOKDR. (In Russ).
 10. Markin N.V. et al. SSR analysis of maternal and paternal lines selected in the don region (Russia). *American Journal of Agricultural and Biological Science*. 2016; (11-1): 13-18. DOI: 10.3844/ajabssp.2016.13.18. EDN: WWAPFF.
 11. Kazutova Yu.S., Balnikov A.A., Gridushko I.F. Pokazateli myasnoi produktivnosti svinei porod landras i iorkshir v zavisimosti ot genotipov po genam MC4R, MYOD1, MYF4 [Indicators of meat productivity of pigs of Landrace and Yorkshire breeds depending on genotypes by genes MC4R, MYOD1, MYF4]. *Agricultural Bulletin of the Ural*. 2021; (2-205): 65-71. DOI: 10.32417/1997-4868-2021-205-02-65-71. EDN: FWSOIA. (In Russ).
 12. Svyatogorova A.E. et al. Vliyanie polimorfizma gena MC4R na otkormochnye i myasnye kachestva svinei [Influence of MC4R gene polymorphism on fattening and meat qualities of pigs]. *Proceedings of Nizhnevolzskiy Agrouniversity Complex: Science and Higher Vocational Education*. 2022; (2-66): 298-306. DOI: 10.32786/2071-9485-2022-02-37. EDN: RNDDKC. (In Russ).
 13. Getmantseva L.V. et al. Vliyanie gena POU1F1 na otkormochnye i myasnye kachestva svinei [The influence of the POU1F1 gene on fattening and meat qualities of pigs]. *Modern problems of science and education*. 2015; (2-1): 746. EDN: UHXRP. (In Russ).
 14. Knorr C., Moser G., Geldermann H. Associations of GH gene variants with performance traits in F2 generations of European wild boar, Pietran and Meishan pigs. *Anim Genet*. 1997; (28): 124-128.
 15. Kolosov A.Yu., Leonova M.A., Getmantseva L.V. Polimorfizm gena gormona rosta (GH) i ego svyaz' s produktivnost'yu svinei porody [Polymorphism of the growth hormone (GH) gene and its relation to the productivity of pigs of the breed]. *Mezhdunarodnyi nauchno-issledovatel'skii zhurnal*. 2016; (9-3-51): 116-118. DOI: 10.18454/IRJ.2016.51.144. EDN: WLVCZD. (In Russ).
 16. Getmantseva L.V. Vliyanie polimorfizma genov MC4R, IGF2 i POU1F1 na produktivnye kachestva svinei [Influence of polymorphism of MC4R, IGF2 and POU1F1 genes on the productive qualities of pigs] [Dissertation]. Persianovsky; 2012. (In Russ).
 17. Leonova M.A. et al. Perspektivnye geny-markery produktivnosti sel'skokhozyaistvennykh zhivotnykh [Promising genes-markers of productivity of farm animals]. *Molodoi uchenyi*. 2013; (12-59): 612-614. URL: <https://moluch.ru/archive/59/8408/> (accessed: 07.12.2022). (In Russ).
 18. Mikhailov N.V. et al. Perspektivnye geny-markery produktivnosti svinei [Promising genes-markers of pig productivity]. *Vestnik Don State Agrarian University*. 2013; (3-9): 16-19. EDN: SAAXLH. (In Russ).
 19. Silveira A.C. et al. PIT1 gene polymorphism in Pietrain and Large White pigs after divergent selection. *Genet Mol Res*. 2009; (8-3): 1008-12. DOI: 10.4238/vol8-3gmr609.
 20. Franco M.M., Antunes R.C., Silva H.D., Goulart L.R. Association of PIT1, GH and GHRH polymorphisms with performance and carcass traits in Landrace pigs. *J Appl Genet*. 2005; (46-2): 195-200. PMID: 15876687.
 21. Cheng W.T., Lee C.H., Hung C.M., Chang T.J., Chen C.M. Growth hormone gene polymorphisms and growth performance traits in Duroc, Landrace and Tao-Yuan pigs. *Theriogenology* 2000; (54-8): 1225-37. DOI: 10.1016/s0093-691x(00)00429-5. PMID: 11192181.
 22. Faria D., Guimarães F., Lopes P.S. Association between G316A growth hormone polymorphism and economic traits in pigs. *J. Genet. Mol. Biol.* 2006; (29-4).

Информация об авторах

А.Г. Максимов – кандидат сельскохозяйственных наук; AuthorID: 374850.

Information about the author

A.G. Maksimov – Candidate of Agricultural Sciences; AuthorID: 374850.

Статья поступила в редакцию 17.01.2023; одобрена после рецензирования 14.03.2023; принята к публикации 08.06.2023.
The article was submitted 17.01.2023; approved after reviewing 14.03.2023; accepted for publication 08.06.2023.