

ГЕНЕТИЧНИЙ АНАЛІЗ ОДНОНУКЛЕОТИДНИХ ПОЛІМОРФІЗМІВ В ГЕНАХ ЛЕПТИНУ І КАТЕПСИНУ F СВИНЕЙ РІЗНИХ ПОРІД

О. Тацій, Р. Сусол

Одеський державний аграрний університет

У статті наведені дані щодо проведеного аналізу з визначення генетичної структури популяції свиней французького походження різних порід (велика біла, ландрас), порідностей (гібридних маток F_1 , гібридних кнурів Kantor) та субпопуляцій свиней порід дюрок та п'єтрен за генетичним маркерами SNPs LEP g.2845 A > T та SNP CTSF g.22 C ≤ G. Досліджувані гени характеризувалися певним поліморфізмом за двома проаналізованими SNP. Оптимальними показниками, для асоціативних досліджень, які забезпечують необхідне різноманіття генотипів для встановлення їх зв'язків з показниками продуктивності знаходяться у межах від 0,25 до 0,75. Таким чином, згідно наших досліджень за генетичним маркером LEP g.2845 у оптимальних межах знаходяться представники порід та породностей дюрок, п'єтрен, ландрас та гібридні кнури Kantor, а за генетичним маркером SNP CTSF g.22 C ≤ G – практично усі породи та породності, що вивчали за виключенням свиней породи ландрас.

Ключові слова: свині, порода, генотип, ДНК- маркери, SNPs LEP g.2845 A > T, SNP CTSF g.22 C ≤ G, поліморфізм

Постановка проблеми. М'ясо – критично важливий білковий продукт харчування людини. Універсальність та унікальність м'язової тканини свиней полягає у високій її калорійності, збалансованому амінокислотному складі білків та біологічно активних речовинах, що забезпечує нормальний фізіологічний стан і засвоєння поживних речовин організмом людини [1].

Станом на сьогодні встановлено відносно велику кількість генів-кандидатів, що належать до таких локусів (локуси кількісних ознак, *QTL – quantitative traits loci*), які впливають на прояв того або іншого рівня репродуктивних, відгодівельних, забійних і м'ясних ознак свиней та навіть якісних характеристик свинини як продукту. У той же час серед цих генів-кандидатів відомо не так багато генів і відповідних ДНК маркерів, які з точки зору їх інформативності і сили асоціації з селекційними ознаками, можна ефективно використовувати у практичній роботі сучасного селекціонера [2].

Протягом останніх 10-15 років сучасна селекційно-племінна робота з масивом свиней різних порід все частіше ґрунтується на застосуванні технології маркер-асоційованої селекції (*MAS, marker-assisted selection*) на фоні забезпечення повноцінної годівлі та належних умов утримання. Зазначені підходи до селекції передбачають відносно чітке генотипування особин за певними локусами, що забезпечують прояв господарсько-корисних ознак у

свиней та подальше використання отриманої молекулярно-генетичної інформації для здійснення коректного відбору особин для подальшого їх розведення з метою формування (підбору) батьківських пар задля одержання нащадків бажаного типу або навіть продукції бажаної якості [3-6].

Гени-кандидати на кшталт *ACLY*, *ADIPOQ*, *ELOVL6*, *LEP* і *ME1* ідентифіковані за допомогою *qPCR* як основні гени фактори, що визначають процеси, які впливають на склад та якість м'яса [7].

Аналіз актуальних досліджень. Морфологічне дослідження туш молодняку свиней різного походження доводить, що впровадження сучасних схем схрещування з використанням м'ясних порід батьківських ліній (форм) призводить до оптимізації співвідношення м'яса до жиру. Як показав фізико-хімічний аналіз свинини, отриманої від свиней різного породного походження, всі досліджувані показники знаходяться в межах чинних фізіологічних норм. Більшість показників, що вивчали, не мали суттєвої різниці, хоча мали тенденцію до прояву деяких особливостей, пов'язаних із впливом генотипу на прояв тієї чи іншої фізико-хімічної характеристики. Використання породи п'єтрен в якості батьківської форми в схемах схрещування призводить до зниження вмісту внутрішньом'язового жиру, а отже, і енергетичної цінності свинини, при цьому шпик має найвищу температуру плавлення, що свідчить про його підвищену здатність до зберігання, хоча і дещо погіршує кулінарні властивості порівняно з аналогічною продукцією, де батьківською формою були кнури породи велика біла та ландрас. Стосовно рівня *pH* і вологоутримуючої здатності свинини, що виробляється від нащадків породи п'єтрен, така сировина часто наближається до м'яса *PSE* (бліде, м'яке, ексудативне), що є дещо менш ніжною і більш блідою за кольором, а також демонструючи більші втрати маси під час термічної обробки. Крім того, комплексна дегустаційна оцінка вареної свинини та свинячого бульйону, отриманих від групи молодняку свиней, де батьківською формою була порода п'єтрен, отримали найнижчу оцінку, що узгоджується з більшістю фізико-хімічних властивостей свинини від свиней даного походження. У тих групах молодняку, де 75% умовної частки крові припадало на породу ландрас було отримано свинину та бекон поліпшеної якості в системах інтенсивного промислового свинарства. Ось чому, рекомендується попередньо поєднувати породи п'єтрен і дюрк для отримання термінальних кнурів ($\frac{1}{2}$ (п'єтрен + дюрк)), які в подальшому будуть спаровуватися з двохпородними матками гібридного походження F_1 ($\frac{1}{2}$ (велика біла + ландрас)) [2]. У той же час виробництво свинини гарантовано бажаної якості за технологічними та кулінарними критеріями цілком можливе за умови застосування саме технології маркер-асоційованої селекції (*MAS*) та створення тваринам оптимальних умов годівлі і утримання в процесі їх вирощування, відгодівлі, транспортування та забою.

Асоціації поліморфізму генів (рецептора холецистокініну типу А (*CCKAR*), рецептора меланокортину 4 (*MC4R*), гена лептину (*LEP*), свинячого свинячого катепсину з ефективністю використання корму та ростовими ознаками

промислових свиней. Генотип *AA* гена *MC4R* достовірно асоціюється з *DFI* при $p < 0,01$. Поліморфізм свинячого катепсину *D* (*CTSD*) та катепсину *Z* (*CTSZ*) достовірно асоціювалися з конверсією корму, *G/F* та *RFI* при $p < 0,05$. Низький рівень *FCR* асоціювався з генотипом *GG* при *CTSZ* та *CTSD* [8].

Ген катепсину *F* (*CTSF*) у свиней картований на хромосомі 2(*SSC2*) *p14-p17* і складається з 12 екзонів та 11 інтронів, продуктом його експресії є білок, який містить 474 амінокислотного залишку. Так, за фізіологічною функцією саме цього білка та локалізацією гену у межах *QTL*-регіону геному свині, що відповідає за м'ясні ознаки та формування жирового депо, його віднесено до генів, оскільки встановлено, що поліморфізм гену катепсину *F* відіграє суттєву роль у детермінації економічно важливих ознак свиней, а саме середньодобового приросту живої маси свиней (γ), вмісту пісного м'яса в туші (%) та товщини хребтового сала (мм) [1].

Зокрема, у відомих напрацюваннях *V. Russo* [3] показано значну асоціацію поліморфізму *CTSF* *g.22 G > C SNP* із середньодобовим приростом та товщиною хребтового сала на прикладі італійської великої білої породи свиней. Зазначений поліморфізм *CTSF* обумовлений однонуклеотидною заміною *G* на *C* (*rs1113132904*) [1], що в свою чергу, призводить до заміни в поліпептидному ланцюзі ферменту катепсину *F* глутамінової кислоти на аспарагінову. Свині з генотипом *g.22 CC* гену катепсину *F* відзначалися підвищеною інтенсивністю росту у процесі онтогенезу та суттєво меншим вмістом сала у туші [3].

При проведенні генетико-популяційного аналізу у стаді свиней великої білої породи української селекції за генетичними маркерами *LEP SNP g.3469 T > C*, *LEP SNP g.2845 A > T* і *CTSF SNP g.22 C > G*. Інформативність *LEP SNP g.2845 A > T* і *CTSF SNP g.22 C > G*, згідно розрахованого інформаційного змісту поліморфізму, виявилася оптимальною для асоціативних досліджень в стаді ($PIC = 0,311$ і $0,373$, відповідно). Проведено розподіл зразків м'яса за рівнями якості *PSE*, *NOR* і *DFD*. Більшість з них мали ознаки помірно вираженої та слабо вираженої вади *PSE* (м'ясо світле, м'яке, ексудативне). За результатами однофакторного дисперсійного аналізу встановлені відмінності між гомозиготними та гетерозиготними генотипами за *CTSF SNP g.22 C > G* за сумарним показником якості м'яса свиней. Висновки. М'ясо свиней гетерозиготних за *CTSF SNP g.22 C > G* (*g.22GC*) характеризується більш високим сумарним показником якості, ніж м'ясо гомозиготних тварин *g.22GG* ($p \leq 0,05$) і *g.22CC* ($p \leq 0,01$) [4].

У субпопуляції української великої білої породи проведено аналіз генетичного маркера *CTSF g.22 G>C SNP* за такими ознаками: вік досягнення живої маси 100 кг, товщина шпигу на рівні 6-7-го ребра, 10-го ребра, в ділянці крижів та середньодобові прирости. Після проведення статистичного аналізу виявлено тенденцію до асоціації генетичного маркера *CTSF g.22 G>C* з показником віку досягнення живої маси 100 кг ($p=0,07$) [5].

Гени лептину (*LEP*) та катепсину *F* (*CTSF*) є потенційними кандидатами для маркер-асоційованої селекції, які беруть безпосередню участь у процесах

накопичення жиру та якості м'яса у свиней. Наведено результати генетичного та асоціативного аналізу одонуклеотидних поліморфізмів (*SNP*) генів *LEP* g.3469 $T > C$, *LEP* g.2845 $A > T$, *LEP* g.3996 $T > C$, *CTSF* g.22 $C \leq G$, вивчених на популяції української великої білої породи. У досліджуваній групі тварин *SNPs* генів *LEP* та *CTSF* характеризувалися поліморфізмом за трьома з чотирьох *SNPs*, але для *SNP LEP* g.3996 $T > C$ алель T був відсутній. Вивчено асоціації одонуклеотидних поліморфізмів з якістю м'яса та шпиком свиней, загалом за 16 параметрами. Встановлено, що *SNP LEP* g.3469 $T > C$ впливає на вміст білка та втрату вологи в м'ясі; *SNP LEP* g.2845 $A > T$ асоціюється з вологістю жиру, вологоутримуючою здатністю м'яса, вмістом внутрішньом'язового жиру; *SNP CTSF* g.22 $C \leq G$ асоціюється з вмістом жиру, натуральною, енергетичною цінністю, вологоутримуючою здатністю та загальною вологістю в м'ясі. Існують тенденції впливу: *SNP LEP* g.3469 $T > C$ на вміст жиру ($p = 0,07$), ніжність м'яса ($p = 0,06$), концентрацію природної золи ($p = 0,08$); *SNP CTSF* g.22 C на показник температури плавлення жиру ($p = 0,06$), загальну вологість м'яса ($p = 0,07$); *SNP LEP* g.2845 $A > T$ на енергетичну цінність м'яса ($p = 0,09$) [6].

Передбачається, що зростаюча роль геноміки та її потенціал для посилення контролю як якісних характеристик м'яса, так і багатьох економічно важливих фізіологічних функцій, сприятимуть подальшому поліпшенню якості м'яса і туш свиней [9].

Для багатьох порід свиней, що розводять в Україні, визначено генетичну структуру за генами катепсинів *CTSS*, *CTSL*, *CTSB*, *CTSK* оцінено інформативність і можливість використання відповідних генетичних маркерів у *MAS*, встановлені їх асоціативні зв'язки з окремими ознаками продуктивності свиней великої білої породи [11, 12]. Подібна інформація щодо гену катепсину *F* відсутня і першим кроком щодо оцінки можливості його використання у *MAS* є аналіз генетичної структури порід і зокрема породи п'єтрен, яка набуває неабиякої популярності використання у схемах схрещування на теренах промислового свинарства України.

Метою досліджень стало дослідження генетичної структури стада свиней породи породи п'єтрен за одонуклеотидними поліморфізмами генів лептину (*LEP* g.2845 $A > T$) і катепсину *F* (*CTSF* g.22 $C \leq G$) в порівнянні з іншими породами та генотипами.

Матеріали та методи досліджень. Об'єктом дослідження була м'ясо-сальна сировина, що одержували від свиней різних порід французького походження ТОВ «Арцизька м'ясна компанія» Арцизького району Одеської області: велика біла ($n=14$), ландрас ($n=10$), дюррок ($n=15$), п'єтрен ($n=350$), кнури гібридного походження Кантори ($n=6$) та гібридні свиноматки F_1 ($\frac{1}{2}$ ВВ+ $\frac{1}{2}$ Л) ($n=11$). Загальна численність поголів'я, що було задіяно для ДНК аналізу склало 406 голів. ДНК дослідження виконані в умовах наукової лабораторії генетики Інституту свинарства та АПВ НААН України (м. Полтава).

ДНК виділяли із щетини з використанням іонообмінної смоли Chellex-100 [11]. Генотипування проводили методом ПЛР-ПДРФ (полімеразна ланцюгова

реакція, поліморфізм довжин рестрикційних фрагментів). Для ПЛР за геном *CTSF* використовували праймери наступної структури: прямий – *AGGGAGGGCTGGAGACGGAGTA* та зворотній – *TCATTCTGGCTCAGCTCCAC* [12]. Рестрикцію продуктів ПЛР здійснювали за допомогою ендонуклеази *Rsa I* відповідно до рекомендацій виробника (*Thermo SCIENTIFIC*, Литва).

Для ПЛР за геном *LEP2845* використовували праймери: прямий – *TTGGCGAGCCTGGAGCAGT* та зворотній – *GCAGCCTCCATCCCTAAGTGGG* [13]. Рестрикцію продуктів ПЛР здійснювали за допомогою ендонуклеази *Xba I* відповідно до рекомендацій виробника (*Thermo SCIENTIFIC*, Литва).

Фрагменти рестрикції розділяли у 3% агарозному гелі. Візуалізацію електрофореграми, після її фарбування у бромистому етидії, проводили на транслюмінаторі в УФ світлі.

Генотипування за *SNP LEP g.2845 A > T*, *CTSF g.22 C ≤ G* проводили методом ПЛР-ПДРФ з урахуванням протоколів описаних у наукових працях [12, 14, 15]. Структура праймерів для ПЛР ампліфікації обраного *SNP* було розроблено з використанням програми *FastPCR* [16].

Ампліфікацію у ПЛР проводили за температурним режимом 94 °C – 2 хв, 40 циклів – 94 °C –30 с, 63 °C – 30 с, 72 °C – 40 с. Рестрикцію ампліфікатів здійснювали згідно протоколу фірми-виробника (*Thermo Fisher Scientific*) до кожної з використаних ендонуклеаз (таблиця 1). Електрофоретичне розділення продуктів рестрикції проводили в 2 % агарозному гелі за напруги електричного поля 120 В.

Таблиця 1. Структура праймерів і рестриктази, використані для генотипування

<i>SNP</i>	Структура праймерів	Ендонуклеаза рестрикції
<i>LEP g.2845 A > T</i>	F:5'-TTGGGCAGCCTGGGAGCAGTC-3' R:5'-TCCCCACTTAGGGATGGAGGCTGC-3'	<i>XbaI</i>
<i>CTSF g.22 C ≤ G</i>	F: 5'AGGGAGGGCTGGAGACGGAGTA-3' R: 5'-TCATTCTGGCTCAGCTCCAC-3'	<i>RsaI</i>

Частоти алелей і генотипів, рівні гетерозиготності *H_o* (гетерозиготність, що спостерігається) і *H_e* (очікувана гетерозиготність) були обчислені за використання програмного забезпечення і методики, описаної *GenALEX6.0* [17], індекс інформаційного змісту поліморфізму (*PIC - polymorphic information content*) – *PIC* калькулятора [18]. Відхилення фактичного розподілу генотипів від рівноважного визначеного за формулою Гарді-Вайнберга статистично оцінено за використання критерію χ^2 .

Статистичну обробку результатів здійснювали за допомогою комп'ютерної програми *GenAlex* [17] та сучасних пакетів прикладних програм *Microsoft Excel 2010* з використанням загальноприйнятих методик [24].

Результати власних досліджень. Результати проведеного аналізу на визначення генетичної структури популяції свиней французького походження різних порід (велика біла, ландрас), порідностей (гібридних маток *F₁*, гібридних

кнурів *Kantor*) та субпопуляцій свиней порід дюрок та п'єтрен за генетичним маркером *SNPs LEP g.2845 A > T* представлено в таблиці 2. Досліджувані гени характеризувалися певним поліморфізмом за двома проаналізованими *SNP*, проте, у популяціях та субпопуляціях, що вивчали за генетичними маркерами *LEP g.2845 A > T* і знайдені всі три можливі генотипи у свиней породи дюрок, п'єтрен, ландрас, тоді як у свиней великої білої породи та гібридних кнурів *Kantor* за генетичними маркерами *LEP g.2845* не виявлено гомозиготного генотипу *TT*, а гібридні свиноматки F_1 належали лише до гомозиготного генотипу *AA*. Таким чином, за генетичним маркером *LEP g.2845 A > T* має місце відхилення у розподілі генотипів, що свідчить про певний селекційний тиск на даний поліморфізм і його можливу асоціацію з продуктивними якостями тварин (генотипу *AA* більш притаманний материнським формам порід на кшталт великої білої). Серед досліджених генетичних маркерів оптимальними для проведення асоціативного аналізу рівнями інформативності характеризувалися *SNP LEP g.2845 A > T* ($PIC = 0,25$ і $>$) та *CTSF g.22 C ≤ G* ($PIC = 0,25$ і $>$). За умови збалансованого розподілу генотипів за генетичними маркерами оптимального рівня інформативності у піддослідних групах свиней усі генотипові варіанти можуть бути представлені достатньою для асоціативного аналізу кількістю особин. У нашому випадку така ситуація спостерігається для *SNP LEP g.2845 A > T* – за цим генетичним маркером відсутнє статистично підтверджене відхилення у розподілі генотипів у свиней порід п'єтрен та ландрас. Щодо ситуації для *SNP CTSF g.22 C ≤ G* – за цим генетичним маркером відсутнє статистично підтверджене відхилення у розподілі генотипів у великої білої породи, п'єтрен, гібридних кнурів *Kantor*.

Результати проведеного аналізу на визначення генетичної структури популяції свиней французького походження різних порід (велика біла, ландрас), порідностей (гібридних маток F_1 , гібридних кнурів *Kantor*) та субпопуляцій свиней порід дюрок та п'єтрен за генетичними маркерами *SNP CTSF g.22 C ≤ G* представлено в таблиці 3.

Таблиця 2. Розподіл частот алелів та генотипів за *LEP2845* геном у різних породах свиней

Порода (n)	Частоти алелів	p	Частоти генотипів			χ^2	F
			TT	AT	AA		
ВБ (14)	A=0,93 T=0,07	1/4*	0,00	0,14	0,86	0,123	-0,111
Ландрас (10)	A=0,60 T=0,40	2/6**, 2/1**	0,30 (0,16)	0,20 (0,48)	0,50 (0,36)	3,403	0,583
Дюрок (15)	A=0,83 T=0,17	2/1*	0,06	0,2	0,74	0,550	0,224
П'єтрен (350)	A=0,55 T=0,45	4/1*, 4/6*	0,31	0,26	0,43	9,545 **	0,488
<i>Kantor</i> (6)	A=0,75 T=0,25		0,00	0,5	0,5	0,521	-0,273
Гібрид F_1 (11)	A=1,00 T=0,00	6/2*, 6/3***	0,00	0,00	1,00	-	-

Примітка (тут і далі): у дужках приведені теоретично очікувані частоти генотипів;

p – поріг вірогідності різниці між породами за частотами алелей;

F - коефіцієнт S . Райта

* - $\leq 0,05$, ** - $\leq 0,01$, *** - $\leq 0,001$, відповідно, критерій Фішера.

Таблиця 3. Розподіл частот алелів та генотипів за *CTSF* геном у різних породах свиней

Порода (n)	Частоти алелей	p	Частоти генотипів			χ^2	F
			GG	GC	CC		
Велика біла (n = 14)	$G=0,43$ $C=0,57$		0,21 (0,20)	0,47 (0,50)	0,36 (0,30)	0,001	-0,010
Ландрас (n = 10)	$G=0,85$ $C=0,15$	2/4**	0,70 (0,72)	0,30 (0,26)	0,00 (0,02)	0,311	-0,176
Дюрок (n = 15)	$G=0,7$ $C=0,3$	3/4*	0,47 (0,60)	0,47 (0,35)	0,06 (0,05)	0,952	-0,294
П'єтрен (n = 350)	$G=0,38$ $C=0,62$	4/3*, 4/5**, 4/6*	0,13 (0,15)	0,5 (0,47)	0,37 (0,38)	0,449	-0,106
<i>Kantor</i> (n = 6)	$G=0,5$ $C=0,5$		0,33 (0,18)	0,34 (0,49)	0,33 (0,33)	1,215	0,417
Гібрид F_1 (n = 11)	$G=0,77$ $C=0,23$	6/3*	0,55 (0,60)	0,45 (0,35)	0,30 (0,05)	0,952	-0,294

Аналіз результатів таблиці 3 вказує, що за генетичним маркером *CTSF* g.22 $C \leq G$ має також місце відхилення у розподілі генотипів, що також свідчить про певний селекційний тиск на даний поліморфізм і його можливу асоціацію з продуктивними якостями тварин (частота алеля G над алелем C має достовірну перевагу у представників породи дюрок, ландрас та гібридних маток F_1 . Крім того, у свиней породи ландрас за генетичним маркером *LEP* g.2845 не виявлено гомозиготного генотипу CC). У той же час за генетичним маркером *SNP CTSF* g.22 $C \leq G$ відсутнє статистично підтвержене відхилення у розподілі генотипів у свиней великої білої породи, п'єтрен та гібридних кнурів *Kantor*.

Розрахований показник інформаційного змісту локусу, *PIC* (*Polymorphism Information Content*) за допомогою якого визначається необхідний для асоціативних досліджень рівень поліморфізму представлено у таблиці 4.

Таблиця 4. Показник інформаційного змісту локусу

Порода (n)	<i>PIC</i> (<i>Polymorphism Information Content</i>)	
	<i>LEP2845</i>	<i>CTSF</i>
Велика біла (14)	0,16	0,37
Дюрок (15)	0,29	0,29
П'єтрен (350)	0,37	0,36
Ландрас (10)	0,36	0,22
<i>Kantor</i> (6)	0,28	0,37
Гібрид F_1 (11)	-	0,29

Оптимальними показниками, для асоціативних досліджень, які забезпечують необхідне різноманіття генотипів для встановлення їх зв'язків з показниками продуктивності знаходяться у межах від 0,25 до 0,75. Таким чином, згідно наших досліджень за генетичним маркером *LEP* g.2845 у оптимальних межах знаходяться представники порід та породностей дюрок, п'єтрен, ландрас та гібридні кнури *Kantor*, а за генетичним маркером *SNP CTSF* g.22 $C \leq G$ – практично усі породи та породності, що вивчали за виключенням свиней породи ландрас.

Сучасні породи свиней, генетично поліпшені для досягнення швидкого росту та відкладання нежирного м'яса, відрізняються від місцевих порід свиней за відкладанням жиру, особливостями метаболізму жиру та іншими властивостями [1].

З урахуванням фізіологічної важливості лептину і катепсину *F* у процесі формування м'язової тканини, відкладанні як внутрішньом'язового, так і підшкірного сала, вбачаються цілком ймовірними такі асоціації генів лептину і катепсину *F*. Хоча, є достатньо зрозуміло, що, взагалі, не кожний із поліморфних маркерів, які виявляються у певному гені, обов'язково буде асоційований із ознаками, які даний ген контролює. Якщо генетичне маркування базується, безпосередньо, на поліморфізмі так званого нуклеотиду кількісної ознаки (*QTN- Quantitative Trait Nucleotide*), то такий генетичний маркер є оптимальним – він прямо асоційований з проявом ознаки. Напроти, для інших поліморфізмів їх асоціація визначається певним фізичним зчепленням з *QTN* і може бути взагалі відсутня. На прикладі галузі свинарства генетичні маркери на кшталт як гену лептину, так і катепсину *F* асоційовані з низкою якісних критеріїв м'ясо-сальної продукції, що досліджували, але достовірно невідомо, чи належать дані маркери до *QTN*, чи фізично з ним зчеплені і разом сегрегують у досліджуваних субпопуляціях, але у будь-якому випадку вони мають перспективу щодо їх використання у маркер-асоційованій селекції свиней. Висловлені думки цілком узгоджуються з науковими напрацюваннями інших авторів [3, 6, 26, 27, 28].

Висновки

1. Оптимальними показниками, для асоціативних досліджень, які забезпечують необхідне різноманіття генотипів для встановлення їх зв'язків з показниками продуктивності знаходяться у межах від 0,25 до 0,75. Згідно наших досліджень за генетичним маркером *LEP* g.2845 у оптимальних межах знаходяться представники порід та породностей: дюрок, п'єтрен, ландрас та гібридні кнури *Kantor*, а за генетичним маркером *SNP CTSF* g.22 $C \leq G$ – практично усі породи та породності, що вивчали за виключенням свиней породи ландрас.

2. Генетичні маркери *LEP* g.2845 $A > T$, *CTSF* g.22 $C \leq G$ характеризуються певним поліморфізмом в популяціях та субпопуляції свиней породи п'єтрен французького походження. Рівні інформативності генетичних маркерів SNPs *LEP* g.2845 $A > T$ (PIC = 0,37) та *CTSF* g.22 $C \leq G$ (PIC = 0,36) є відносно оптимальними для проведення в субпопуляції асоціативного аналізу.

3. Одержані результати можуть бути використані при веденні селекції зі свинями породи п'єтрен на підвищений вміст внутрішньом'язового жиру у м'ясі, що покращить ароматичні та смакові характеристики свиней породи п'єтрен, які за результатами проведеної дегустаційної оцінки відстають від аналогів низки інших порід.

Перспектива подальших досліджень. Генетичні маркери *SNPs LEP g.2845 A > T* і *CTSF g.22 C > G* мають перспективу щодо їх використання у маркер-асоційованій селекції свиней. Заплановано подальше визначення асоціативних досліджень даних маркерів з показниками якості туш, м'яса та сала свиней породи п'єтрен.

Список використаних джерел:

1. Генетичний та асоціативний аналіз однонуклеотидного поліморфізма *g.22 G>C* в гені катепсину F свиней різних порід / Є. К. Олійниченко, В. О. Вовк, Т. В. Буслик, М. О. Ільченко, В. М. Балацький. *ANIMAL SCIENCE AND FOOD TECHNOLOGY*. Vol. 10. №1. 2019. С. 21-26.
2. Assessment of quality of modern commercial pork production / Garmatyk K., Susol R., Broshkov M. et al. *Food Science and Technology*. 2020. Vol. 14, Issue: 2. P.42-52. DOI <https://doi.org/10.15673/fst.v14i2.1718>
3. Russo, V., Fontanesi, L., Davoli, R., Galli, S. (2004). Linkage Mapping of the Porcine Cathepsin F (CTSF) gene close to the QTL regions for Meat and Fat Deposition Traits on Pig Chromosome. *Anim. Genet.*, 35, 155–157.
4. Association of LEP- and CTSF-genotypes with levels of meat quality PSE, NOR and DFD in pigs of large white breed of Ukrainian selection / I. B. Bankovska, Y. K. Oliinychenko, V. N. Balatsky et al. *Agricultural Science and Practice*. Vol. 7 No. 1 (2020). P.14-23. <https://doi.org/10.15407/agrisp7.01.014>
5. Генетичний та асоціативний аналіз однонуклеотидного поліморфізму *G.22 G>C* у гені катепсину F свиней різних порід / Балацький В. М., Вовк В. О., Буслик Т. В., Ільченко М. О., Олійниченко Є. К. *ВІСНИК Полтавської державної аграрної академії*. № 4. 2018. С.137-141.
6. Генетичний та асоціативний аналіз однонуклеотидних поліморфізмів в генах лептину і катепсину F свиней / Олійниченко Є. К., Баньковська І.Б., Балацький В.М., Почерняєв К.Ф., Буслик Т.В. Ільченко М.О. http://dglib.nubip.edu.ua:8080/bitstream/123456789/8355/1/38_Oliinychenko.pdf
7. Transcriptomic Profiling of Skeletal Muscle Reveals Candidate Genes Influencing Muscle Growth and Associated Lipid Composition in Portuguese Local Pig Breeds/ André Albuquerque, Cristina Óvilo, Yolanda Núñez and others. *Animals*. 2021, 11(5), 1423; <https://doi.org/10.3390/ani11051423>
8. Wootichai Kenchaiwong¹, Monchai Duangjinda^{2, 3}, and Wuttigrai Boonkum. Polymorphisms of candidate genes associated with feed efficiency and growth traits in commercial crossbred pigs. *Songklanakarini J. Sci. Technol.* 41 (5), 1069-1075, Sep. – Oct. 2019 file:///C:/Users/asus/Downloads/DigitalFile_486882.pdf

9. Roberta Davoli and Silvia Braglia. Molecular approaches in pig breeding to improve meat quality. *Briefings in Functional Genomics and Proteomics*. VOL 6. 2008. NO 4. 313-321 doi:10.1093/bfgp/elm036
10. Walsh P.S. Chelex-100 as a medium for extraction of DNA for PCR-based typing from forensic material / P.S. Walsh, D. A. Metzger, R. Higuchi. *BioTechniques*. 1991. Vol. 10. P. 506.
11. Single nucleotide polymorphisms in several porcine cathepsin genes are associated with growth, carcass, and production traits in Italian Large White pigs / V. Russo, L. Fontanesi, E. Scotti, F. Beretti, R. Davoli, L. Nanni Costa, R. Virgili, L. Buttazzoni. *J. Anim. Sci.* 2008. Vol. 86. P. 3300-3314.
12. de Oliveira Peixoto J¹, Facioni Guimarães SE, Sávio Lopes P, Menck Soares MA, Vieira Pires A, Gualberto Barbosa MV, de Almeida Torres R, de Almeida E Silva M Associations of leptin gene polymorphisms with production traits in pigs. *J Anim Breed Genet*. 2006 Dec;123(6):37-83.
13. Peakall R., Smouse P. GENALEX 6: Genetic Analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*. 2006. Vol.6. P. 288-295.
14. Kennes, Y. M., Murphy, B. D, Palin, M. F Characterization of swine leptin (LEP) polymorphisms and their association with production traits. *Animal Genetics*. 2001. № 32. P. 215–218.
15. Russo, V., Davoli, R., Costa Nanni, L., Fontanesi, L., Baiocco, C., Buttazzoni, L., Galli, S., Virgili, R. Association of the CTSB,CTSF and CSTB genes with growth, carcass and meat quality traits in heavy pigs. *Italian Journal of Animal Science*. 1998. Vol. 2. P. 67–69.
16. Fast PCR. URL: <http://www.primerdigital.com/Fastpcr.html> (дата звернення: 30.12.2022).
17. Peakall, R. Smouse, P. E. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*. 2006. № 6. P. 288–295.
18. PIC calculator. URL: <http://www.liv.ac.uk/~kempsj/pic.html> (дата звернення: 01.09.2020).
19. Лабораторні методи досліджень у біології, тваринництві та ветеринарній медицині: довідник / В. В. Влізло та ін.; за ред. В. В. Влізло. Львів : СПОЛОМ, 2012. 767 с.
20. Свинарство : монографія / Рибалко В. П. та ін.; за ред. В. М. Волощука. Київ: Аграрна наука, 2014. 592 с.
21. Бірта Г. О. Товарознавча характеристика продукції свинарства. К. : Центр учбової літератури, 2011. 144 с.
22. Якубчак О. М., Кравчук В. В., Таран Т. В. Критерії оцінки якості м'яса. Київ: «Компринт», 2013. 121 с.
23. Баньковська І. Б., Канюка О. Ю. Методичні підходи і принципи експрес-оцінки якості свинини Таврійський науковий вісник: Збірник наукових праць ХДАУ. Херсон: Айлант, 2011. Вип. 76. Ч. 2. С. 219–221.

24. Аналіз біометричних даних у розведенні та селекції тварин : навчальний посібник / С. С. Крамаренко, С. І. Луговий, А. В. Лихач, С. С. Крамаренко. Миколаїв: МНАУ, 2019. 211 с.
25. Poklukar, K.; Candek-Potokar, M.; Batorek Lukač, N.; Tomažin, U.; Škrlep, M. Lipid deposition and metabolism in local and modern pig breeds: A review. *Animals*. 2020, 10, 424. <https://doi.org/10.3390/ani10030424>
26. Сусол Р. Л. Науково-практичні методи використання свиней породи п'єтрен у системі «генотип × середовище»: монографія. Одеса: Букаєв В. В., 2015. 177 с.
27. Mykhalko, O., Povod, M., Verbelchuk, T., Shcherbyna, O., Susol, R., Kirovich, N. and Riznychuk, I. Effect of Pre-Slaughter Weight on Morphological Composition of Pig Carcasses. *Open Agriculture*. Vol. 7, № 1, 2022, P. 335–347. (Scopus) DOI: <https://doi.org/10.1515/opag-2022-0096>
28. Оцінка, прогнозування та виробництво якісної продукції свинарства: монографія / В. М. Волощук, О. М. Жукорський, І. Б. Баньковська, С. О. Семенов. К. : Аграрна наука, 2020. 169 с.

GENETIC ANALYSIS OF SINGLE NUCLEOTIDE POLYMORPHISMS IN THE GENES OF LEPTIN AND CATHEPSIN F IN PIGS OF DIFFERENT BREEDS

O.Tatsiy, R. Susol

The article presents the data on the analysis carried out to determine the genetic structure of the population of pigs of French origin of different breeds (Large White, Landrace), breeds (F1 hybrid sows, Kantor hybrid boars) and subpopulations of pigs of Duroc and Piedmont breeds using the genetic markers LEP g.2845 A > T and SNP CTSF g.22 C ≤ G. The studied genes were characterised by a certain polymorphism at the two analysed SNPs. The optimal values for association studies, which provide the necessary diversity of genotypes to establish their relationship with performance indicators, are in the range from 0.25 to 0.75. Thus, according to our studies, the genetic marker LEP g.2845 is within the optimal range for representatives of the Duroc, Piedmont, Landrace and Kantor hybrid boars, and the genetic marker SNP CTSF g.22 C ≤ G is within the optimal range for almost all studied breeds and breeds, except for Landrace pigs.

Key words: pigs, breed, genotype, DNA markers, LEP SNPs g.2845 A > T, CTSF SNP g.22 C ≤ G, polymorphism.